

09/673400

529 Rec'd PCT

17 OCT 2000

WORLD INTELLECTUAL PROPERTY ORGANIZATION

PCT

International Office

INTERNATIONAL APPLICATION PUBLISHED ACCORDING TO THE  
INTERNATIONAL PATENT COOPERATION TREATY (PCT)

(51) International Patent Classification<sup>6</sup>:

C12N 15/00

A2

(11) International Publication Number: WO 99/54448

(43) International Publication Date: October 28, 1999  
(10/28/1999)

(21) International File Number: PCT/DE99/01178

(22) International Application Date: April 15, 1999 (4/15/99)

(30) Priority Data: 198 17 947.2 April 17, 1998 (4/17/98) DE

(71) Applicant (for all designated countries except US): METAGEN  
GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63,  
D-14195 Berlin (DE).

(72) Inventors; and

(75) Inventors/applicants (only for US): SPECHT, Thomas [DE/DE];  
Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd  
[DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT,  
Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE).  
PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-  
01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE];  
Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE).  
ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin  
(DE).

(81) Designated countries: JP, US, European patent (AT, BE, CH,  
CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

**THIS PAGE BLANK (USPTO)**

SN

**PCT**  
WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales Büro  
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)



<p>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> : <b>C12N 15/00</b></p>	<p><b>A2</b></p>	<p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: <b>WO 99/54448</b></p> <p>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)</p>		
<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <tr> <td style="width: 50%; vertical-align: top; padding: 5px;"> <p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01178</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 17 947.2      17. April 1998 (17.04.98)      DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und</p> <p>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p> </td> <td style="width: 50%; vertical-align: top; padding: 5px;"> <p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p><b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p> </td> </tr> </table>			<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01178</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 17 947.2      17. April 1998 (17.04.98)      DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und</p> <p>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>	<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p><b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p>
<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01178</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 17 947.2      17. April 1998 (17.04.98)      DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und</p> <p>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>	<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p><b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p>			
<p>(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF UTERUS MYOMA TISSUE</p> <p>(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS UTERUSMYOMGEWEBE</p> <p>(57) Abstract</p> <p>The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of uterus myoma tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.</p> <p>(57) Zusammenfassung</p> <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Uterusmyomgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>				

### LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

## Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusmyomgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusmyomgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Uterusmyom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq. ID 52 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Uterusmyom eine Rolle spielen.

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 14-18, 30, 31, 52.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 15
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 14-18, 30, 31, 52.
  - 20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
  - oder
  - 25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 14-18, 30, 31 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 und und Seq. ID 52, die im Uterusmyom erhöht exprimiert sind.

40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 14-18, 30, 31, 52 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

45 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 14-18, 30, 31, 52 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense  
50 Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

5 Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

10 Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus  
15 Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

20 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls  
25 Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

30 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

35 Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

40 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

45 Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos 32 - 51 und ORF ID Nos 53-55.

5 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 32-51 und ORF ID Nos 53-55 aufweisen.

10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1-31 und Seq.ID No. 52 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

30 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 32 - 51 und Seq. ID Nos 53-55 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uterusmyom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

35 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq. ID 52 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uterusmyom verwendet werden können.

40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 und Seq. ID Nos 53-55 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Uterusmyom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Uterusmyom.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq.. ID No. 32 bis 51 und Seq. ID Nos 53-55 enthalten.

45 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-31, 52, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.



5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1-31, 52 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die  
10 so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren,  
15 Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).  
Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1-31, 52 zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

**B deutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen**

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
10	Contig =	eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
	Singleton=	ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
15	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
20	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

**25 Erklärung zu den Alignmentparametern**

	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
30	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

**Erklärung der Abbildungen**

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
50	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und  
15 dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs  
20 die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert.  
25 Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusmyomgewebe ESTs.

35

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

45

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und  
50 ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## B ispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die häufiger im Uterusmyomgewebe als im Normalgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef

	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
5	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

	FOETUS	
15	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
20	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
25	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

30	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
35	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
45	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## 50 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 31 gefunden, die .häufiger im Uterusmyomgewebe als im Normalgewebe vorkommt.

55

Das Ergebnis ist wie folgt:

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0468	0.0562		0.8321	1.2018
		Brust	0.0576	0.0752		0.7656	1.3062
		Duenn darm	0.0766	0.0662		1.1586	0.8631
10		Eierstock	0.0509	0.0650		0.7829	1.2774
		Endokrines_Gewebe	0.0596	0.0702		0.8491	1.1778
		Gastrointestinal	0.0690	0.1203		0.5735	1.7438
		Gehirn	0.0850	0.0873		0.9741	1.0266
		Haematopoetisch	0.0722	0.0379		1.9056	0.5248
15		Haut	0.0918	0.0000		undef	0.0000
		Hepatisch	0.0143	0.1100		0.1298	7.7066
		Herz	0.1123	0.0275		4.0862	0.2447
		Hoden	0.0518	0.0819		0.6325	1.5809
		Lunge	0.1080	0.0879		1.2287	0.8138
20		Magen-Speiserohre	0.0676	0.0307		2.2059	0.4533
		Muskel-Skelett	0.0737	0.0780		0.9445	1.0587
		Niere	0.0407	0.0890		0.4575	2.1857
		Pankreas	0.0463	0.0552		0.8376	1.1939
		Penis	0.0449	0.0000		undef	0.0000
25		Prostata	0.0436	0.0554		0.7874	1.2700
		Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000		undef	0.0000
		Uterus_Myometrium	0.0534	0.1426		0.3741	2.6732
		Uterus_allgemein	0.0255	0.0000		undef	0.0000
		Brust-Hyperplasie	0.0863				
30		Prostata-Hyperplasie	0.0535				
		Samenblase	0.0890				
		Sinnesorgane	0.0588				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0772				
		Zervix	0.1171				
35							
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
		Entwicklung	0.0139				
40		Gastrointestinal	0.0583				
		Gehirn	0.0500				
		Haematopoetisch	0.0590				
		Haut	0.0000				
		Hepatisch	0.0000				
45		Herz-Blutgefuesse	0.0462				
		Lunge	0.0578				
		Nebenniere	0.0254				
		Niere	0.0679				
		Placenta	0.0545				
50		Prostata	0.2493				
		Sinnesorgane	0.0000				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
55		Brust	0.0204				
		Eierstock_n	0.1595				
		Eierstock_t	0.0051				
		Endokrines_Gewebe	0.0000				
60		Foetal	0.0256				
		Gastrointestinal	0.0488				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Haut-Muskel	0.0227				
		Hoden	0.0154				
65		Lunge	0.0082				
		Nerven	0.0191				
		Prostata	0.0068				
		Sinnesorgane	0.0000				
		Uterus_n	0.0000				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0128	0.0038	3.4026	0.2939
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0082	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0408	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0974			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0325			
45	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0618			
	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0384			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0171			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.1103	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0140	0.0010	13.6792	0.0731
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0815	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.1695	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0883	0.1727	5.7919
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0332	1.1734	0.8522
	Brust	0.0345	0.0414	0.8352	1.1973
	Duenn darm	0.0399	0.0662	0.6024	1.6599
	Eierstock	0.0359	0.0546	0.6579	1.5201
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0351	1.5040	0.6649
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0185	0.9319	1.0731
	Gehirn	0.0214	0.0359	0.5965	1.6763
	Haematopoetisch	0.0294	0.0379	0.7763	1.2881
	Haut	0.0257	0.1695	0.1516	6.5954
	Hepatisch	0.0476	0.0323	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0633	0.0234	2.7059	0.3696
	Lunge	0.0312	0.0266	1.1724	0.8530
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0153	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0308	0.0360	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0326	0.0548	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0319	0.4777	2.0934
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0528	0.8962	1.1158
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.1019	0.2993	3.3415
	Uterus_allgemein	0.0560	0.1908	0.2936	3.4065
	Brust-Hyperplasie	0.0448			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
	Samenblase	0.1513			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0426			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0974			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
	Lunge	0.0325			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0909			
	Prostata	0.1496			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.1278	0.3356	2.9798
	Brust	0.1036	0.1203	0.8613	1.1610
	Duenn darm	0.0215	0.0992	0.2163	4.6240
	Eierstock	0.0599	0.0702	0.8528	1.1726
	Endokrines_Gewebe	0.0783	0.0426	1.8380	0.5441
10	Gastrointestinal	0.0249	0.0786	0.3167	3.1574
	Gehirn	0.0429	0.1284	0.3341	2.9935
	Haematopoetisch	0.0227	0.1136	0.2000	5.0008
	Haut	0.0844	0.1695	0.4982	2.0073
	Hepatisch	0.0523	0.0712	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0922	0.1649	0.5590	1.7890
	Hoden	0.0460	0.0585	0.7872	1.2704
	Lunge	0.0447	0.0797	0.5601	1.7853
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0537	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.1490	0.1380	1.0801	0.9258
20	Niere	0.0489	0.0479	1.0196	0.9808
	Pankreas	0.0149	0.1049	0.1417	7.0571
	Penis	0.0509	0.1333	0.3819	2.6187
	Prostata	0.0196	0.0319	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.1583	0.4268	2.3432
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.3260	0.1169	8.5541
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0863			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.1670			
	Gastrointestinal	0.1444			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0629			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0889			
	Lunge	0.0759			
45	Nebenniere	0.2535			
	Niere	0.1112			
	Placenta	0.1091			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.1004			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0379			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0486			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0251			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0150	0.0104	1.4391	0.6949
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0278	0.3451	2.8974
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0104	0.0245	0.4234	2.3620
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0360	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0064	3.4121	0.2931
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0408	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0460	0.6780	1.4750
	Brust	0.0192	0.0282	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0368	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0364	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0326	0.8882	1.1258
10	Gastrointestinal	0.0460	0.0231	1.9880	0.5030
	Gehirn	0.0532	0.0585	0.9094	1.0996
	Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0647	0.0735	13.5999
15	Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0288	0.4210	0.0683	14.6349
	Lunge	0.0343	0.0368	0.9314	1.0737
	Magen-Speiseröhre	0.0773	0.0230	3.3614	0.2975
	Muskel-Skelett	0.0497	0.0660	0.7528	1.3283
20	Niere	0.0353	0.1575	0.2241	4.4619
	Pankreas	0.0165	0.0939	0.1760	5.6828
	Penis	0.0299	0.0267	1.1232	0.8903
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0399			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäesse	0.0783			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0141			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0468	0.0204	2.2882	0.4370
	Brust	0.0205	0.0451	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0539	0.0468	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0527	1.0674	0.9369
10	Gastrointestinal	0.0249	0.0324	0.7692	1.3001
	Gehirn	0.0333	0.0318	1.0451	0.9568
	Haematopoetisch	0.0388	0.0379	1.0234	0.9772
	Haut	0.0257	0.1695	0.1516	6.5954
	Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0540	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0291	0.0491	0.5927	1.6872
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0206	0.1140	0.1803	5.5448
20	Niere	0.0733	0.0274	2.6765	0.3736
	Pankreas	0.0264	0.0331	0.7977	1.2536
	Penis	0.0269	0.0533	0.5054	1.9786
	Prostata	0.0501	0.0341	1.4715	0.6796
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.2639	0.2049	4.8816
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0611	0.2494	4.0097
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0512			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0666			
	Gehirn	0.0626			
40	Haematopoetisch	0.0786			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0818			
	Lunge	0.0867			
45	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0606			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0628			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0256			
	Gastrointestinal	0.0732			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0551			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0737			
	Nerven	0.0231			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0333			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1131	0.1431	0.7900	1.2659
	Brust	0.1356	0.1692	0.8015	1.2476
	Duenn darm	0.1962	0.0165	11.8636	0.0843
	Eierstock	0.1827	0.2446	0.7471	1.3385
	Endokrines_Gewebe	0.1090	0.1329	0.8202	1.2192
10	Gastrointestinal	0.1878	0.2590	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.1035	0.1325	0.7814	1.2798
	Haematopoetisch	0.2700	0.1894	1.4257	0.7014
	Haut	0.1358	0.0847	1.6028	0.6239
	Hepatisch	0.0428	0.1812	0.2363	4.2311
15	Herz	0.2586	0.0137	18.8118	0.0532
	Hoden	0.0633	0.1403	0.4510	2.2174
	Lunge	0.3231	0.2229	1.4495	0.6899
	Magen-Speiserohre	0.1643	0.2147	0.7653	1.3066
	Muskel-Skelett	0.1970	0.0960	2.0524	0.4872
20	Niere	0.1222	0.2328	0.5248	1.9055
	Pankreas	0.0876	0.1767	0.4955	2.0183
	Penis	0.1407	0.1600	0.8798	1.1366
	Prostata	0.1003	0.0766	1.3080	0.7645
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0528	3.4569	0.2893
25	Uterus_Myometrium	0.1677	0.3804	0.4409	2.2681
	Uterus_allgemein	0.2292	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0735			
	Prostata-Hyperplasie	0.0684			
	Samenblase	0.1335			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.2749			
	Zervix	0.0958			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0639			
	Gehirn	0.1063			
40	Haematopoetisch	0.1258			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0712			
	Lunge	0.1517			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0988			
	Placenta	0.0909			
	Prostata	0.1745			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0709			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0326			
	Gastrointestinal	0.1464			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.1328			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.2211			
	Nerven	0.0311			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0064	0.0113	0.5671	1.7633
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0234	1.0233	0.9772
10	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0022	0.0257	0.0864	11.5747
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
	Herz	0.0276	0.0275	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0083	0.0245	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0081	0.0616	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0951	0.0802	12.4748
	Uterus_allgemein	0.0968	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0278			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0708			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.2121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0233			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0648			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.3093	0.1135	8.8135
	Brust	0.0269	0.0470	0.5716	1.7493
	Duennndarm	0.0092	0.0662	0.1390	7.1929
	Eierstock	0.0569	0.0182	3.1248	0.3200
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0502	1.0528	0.9498
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0873	0.0254	39.3541
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.5085	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0771	0.0540	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0489	0.0137	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0264	0.0442	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.1066	0.0842	11.8713
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0743	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.1494	0.2551	3.9206
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0954	0.1601	6.2452
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.4387			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.2713			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	1.6121			
	Herz-Blutgefuesse	0.0605			
	Lunge	0.1770			
45	Nebenniere	1.1663			
	Niere	0.8092			
	Placenta	0.7635			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0612			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.4665			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
	Brust	0.0256	0.0432	0.5918	1.6899
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0074	0.0216	0.3428	2.9168
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0468	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0031	0.0082	0.3810	2.6245
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0300	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0210	0.1066	0.1966	5.0877
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0883	0.3453	2.8959
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0639			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1266			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0051	0.0051	0.0051	3.8136	0.2622
	Brust	0.0051	0.0132	0.0132	0.0132	0.3889	2.5715
	Duennndarm	0.0061	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0130	0.0130	0.0130	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0150	0.0150	0.0150	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0133	0.0133	0.0133	0.0133	0.9969	1.0031
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0194	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0265	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0164	0.0164	0.0164	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0077	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0540	0.0540	0.0540	0.1269	7.8795
20	Niere	0.0217	0.0274	0.0274	0.0274	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0165	0.0055	0.0055	0.0055	2.9915	0.3343
	Penis	0.0090	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0170	0.0170	0.0170	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.2111	0.2111	0.2111	0.1600	6.2484
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0475	0.0475	0.0475	0.1603	6.2374
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0320					
	Prostata-Hyperplasie	0.0238					
	Samenblase	0.0267					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069					
	Zervix	0.0213					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0417					
	Gastrointestinal	0.0139					
	Gehirn	0.0125					
40	Haematopoetisch	0.0157					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0427					
	Lunge	0.0253					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0126					
50							
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0068					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0051					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0035					
	Gastrointestinal	0.0244					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0050					
65	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0155					
	Uterus_n	0.0042					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701	5.8778
	Duenn darm	0.0184	0.0496	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0072	0.1029	9.7228
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0153	0.2542	3.9333
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0251	0.4755	2.1032
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0163	0.0246	0.6600	1.5152
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0082	1.6511	0.6057
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0128	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0408	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0307	0.0338	0.9074	1.1021
	Duenndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0509	0.0286	1.7792	0.5620
	Endokrines_Gewebe	0.0375	0.0301	1.2453	0.8030
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0093	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0222	0.0452	0.4909	2.0372
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
15	Herz	0.0636	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0177	0.0532	0.3322	3.0104
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0960	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0217	0.0685	0.3172	3.1524
	Pankreas	0.0264	0.0055	4.7864	0.2089
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0283	0.0341	0.8317	1.2024
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0532			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0278			
	Gehirn	0.0688			
40	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0534			
	Lunge	0.0831			
45	Nebenniere	0.1014			
	Niere	0.0741			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178		
	Brust	0.0371	0.0357	1.0387	0.9627		
	Duenn darm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487		
	Eierstock	0.0479	0.0390	1.2280	0.8143		
	Endokrines_Gewebe	0.0358	0.0326	1.0972	0.9114		
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0093	1.6567	0.6036		
	Gehirn	0.0229	0.0524	0.4376	2.2851		
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266		
15	Herz	0.0593	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163		
	Lunge	0.0145	0.0491	0.2964	3.3743		
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000		
	Muskel-Skelett	0.0120	0.1140	0.1052	9.5055		
20	Niere	0.0299	0.0616	0.4846	2.0634		
	Pankreas	0.0281	0.0055	5.0855	0.1966		
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0349	0.0319	1.0919	0.9159		
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000		
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0679	0.2245	4.4553		
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie	0.0576					
	Prostata-Hyperplasie	0.0446					
	Samenblase	0.0356					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130					
	Zervix	0.0532					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0417					
	Gastrointestinal	0.0333					
	Gehirn	0.0688					
40	Haematopoetisch	0.0275					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0427					
	Lunge	0.0867					
45	Nebenniere	0.1268					
	Niere	0.0741					
	Placenta	0.0182					
	Prostata	0.1247					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0253					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0326					
	Gastrointestinal	0.0122					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0518					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0090					
65	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0208					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0351		0.0332		1.0561	0.9469
	Brust	0.0269		0.0376		0.7146	1.3995
	Duenndarm	0.0337		0.0992		0.3398	2.9425
	Eierstock	0.0240		0.0312		0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0409		0.0075		5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0268		0.0971		0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0059		0.0113		0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0013		0.2273		0.0059	170.0273
	Haut	0.0330		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095		0.0388		0.2451	4.0800
15	Herz	0.0223		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0173		0.0351		0.4920	2.0326
	Lunge	0.0395		0.0900		0.4388	2.2792
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0857		0.1920		0.4462	2.2413
20	Niere	0.0136		0.0205		0.6609	1.5132
	Pankreas	0.0198		0.0221		0.8974	1.1143
	Penis	0.0629		0.0800		0.7862	1.2719
	Prostata	0.0087		0.0106		0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium	0.0676		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0686		0.1630		0.4208	2.3761
	Uterus_allgemein	0.0153		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0735					
	Prostata-Hyperplasie	0.0416					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0426					
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## %Haeufigkeit

55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.1048	0.8185	1.2217
	Brust	0.1036	0.1729	0.5992	1.6690
	Duenn darm	0.1226	0.1158	1.0593	0.9441
	Eierstock	0.0958	0.1197	0.8009	1.2486
	Endokrines_Gewebe	0.0954	0.1128	0.8453	1.1830
10	Gastrointestinal	0.0900	0.1573	0.5725	1.7466
	Gehirn	0.0658	0.0924	0.7120	1.4046
	Haematopoetisch	0.1109	0.0758	1.4645	0.6828
	Haut	0.0918	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333	0.0906	0.3676	2.7200
15	Herz	0.2120	0.0412	5.1398	0.1946
	Hoden	0.0690	0.3625	0.1904	5.2509
	Lunge	0.0696	0.1186	0.5869	1.7040
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0460	1.0504	0.9520
	Muskel-Skelett	0.0702	0.2820	0.2491	4.0145
20	Niere	0.0652	0.1027	0.6344	1.5762
	Pankreas	0.1140	0.1270	0.8974	1.1143
	Penis	0.1018	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.1090	0.1277	0.8530	1.1723
	Uterus_Endometrium	0.1149	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0686	0.2106	0.3258	3.0692
	Uterus_allgemein	0.0458	0.1908	0.2402	4.1635
	Brust-Hyperplasie	0.1279			
	Prostata-Hyperplasie	0.1159			
	Samenblase	0.1157			
30	Sinnesorgane	0.1059			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0832			
	Zervix	0.1278			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.2471			
	Gehirn	0.2189			
40	Haematopoetisch	0.1612			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.1560			
	Herz-Blutgefuesse	0.2633			
	Lunge	0.1012			
45	Nebenniere	0.1014			
	Niere	0.1112			
	Placenta	0.0848			
	Prostata	0.3740			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0658			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0216			
	Gastrointestinal	0.0732			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.1638			
	Nerven	0.0211			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0102	2.6695	0.3746
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992	0.3449
	Gehirn	0.0015	0.0164	0.0900	11.1117
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0106	0.0412	0.2570	3.8912
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0052	0.0102	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0060	3.7122	0.2694
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.1019	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0207	0.3093	3.2328
	Duenn darm	0.0153	0.0662	0.2317	4.3157
	Eierstock	0.0180	0.0156	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0351	0.5822	1.7176
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0231	0.6627	1.5090
	Gehirn	0.0510	0.0257	1.9871	0.5032
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0466	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0249	0.0348	0.7172	1.3943
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0377	0.0300	1.2564	0.7959
20	Niere	0.0244	0.0274	0.8922	1.1209
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0329	0.0267	1.2355	0.8094
	Prostata	0.0131	0.0149	0.8774	1.1397
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0434			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0373			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0680			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0211			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0458			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0639	1.1593	0.8626
	Brust	0.0691	0.0827	0.8352	1.1973
	Duenn darm	0.0245	0.0496	0.4943	2.0230
	Eierstock	0.0689	0.0494	1.3936	0.7176
	Endokrines_Gewebe	0.2487	0.5191	0.4791	2.0873
10	Gastrointestinal	0.0421	0.0879	0.4796	2.0852
	Gehirn	0.1700	0.1037	1.6395	0.6099
	Haematopoetisch	0.0695	0.0758	0.9175	1.0899
	Haut	0.0367	0.4237	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0668	0.1375	0.4857	2.0588
	Hoden	0.0460	0.0468	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0592	0.0470	1.2590	0.7943
	Magen-Speiserohre	0.1160	0.0690	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0754	0.0960	0.7853	1.2735
20	Niere	0.0706	0.0479	1.4728	0.6790
	Pankreas	0.0677	0.0552	1.2265	0.8153
	Penis	0.0988	0.0267	3.7064	0.2698
	Prostata	0.0697	0.0660	1.0566	0.9464
	Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0611	0.2494	4.0097
	Uterus_allgemein	0.1120	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0823			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0824			
	Zervix	0.0852			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.1113			
	Gastrointestinal	0.0805			
	Gehirn	0.1376			
40	Haematopoetisch	0.1140			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0996			
	Lunge	0.1951			
45	Nebenniere	0.1268			
	Niere	0.1359			
	Placenta	0.1030			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0879			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0309			
	Gastrointestinal	0.0610			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0655			
	Nerven	0.0783			
65	Prostata	0.0547			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0332	1.6428	0.6087		
	Brust	0.0269	0.0320	0.8407	1.1896		
	Duenn darm	0.0276	0.0000	undef	0.0000		
	Eierstock	0.0479	0.0546	0.8771	1.1401		
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0176	1.8437	0.5424		
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950		
	Gehirn	0.0229	0.0277	0.8266	1.2097		
	Haematopoetisch	0.0348	0.0379	0.9175	1.0899		
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0190	0.0000	undef	0.0000		
15	Herz	0.0477	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0230	0.1169	0.1968	5.0816		
	Lunge	0.0156	0.0307	0.5080	1.9684		
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0460	0.0000	undef		
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0480	0.2499	4.0023		
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203		
	Pankreas	0.0182	0.0331	0.5484	1.8234		
	Penis	0.0180	0.0800	0.2246	4.4517		
	Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769		
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000		
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702		
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie	0.0576					
	Prostata-Hyperplasie	0.0208					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0277					
	Zervix	0.0213					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0278					
	Gastrointestinal	0.0639					
	Gehirn	0.0438					
40	Haematopoetisch	0.0275					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0925					
	Lunge	0.0831					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0803					
	Placenta	0.0667					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0122					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0077					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0040					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N	
5	Blase	0.0429		0.0486	0.8832	1.1323	
	Brust	0.0435		0.0771	0.5643	1.7720	
	Duenn darm	0.0307		0.0000	undef	0.0000	
	Eierstock	0.0389		0.0833	0.4677	2.1381	
	Endokrines_Gewebe	0.0460		0.0301	1.5283	0.6543	
10	Gastrointestinal	0.0287		0.0971	0.2958	3.3803	
	Gehirn	0.0347		0.0534	0.6507	1.5367	
	Haematopoetisch	0.0869		0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0551		0.0847	0.6498	1.5389	
	Hepatisch	0.0143		0.0194	0.7353	1.3600	
15	Herz	0.0466		0.0137	3.3923	0.2948	
	Hoden	0.0173		0.0935	0.1845	5.4203	
	Lunge	0.0457		0.0613	0.7451	1.3421	
	Magen-Speiseroehre	0.0290		0.0153	1.8908	0.5289	
	Muskel-Skelett	0.0223		0.1140	0.1954	5.1183	
20	Niere	0.0407		0.0137	2.9739	0.3363	
	Pankreas	0.0314		0.0442	0.7105	1.4075	
	Penis	0.0779		0.0533	1.4601	0.6849	
	Prostata	0.0458		0.0617	0.7412	1.3491	
	Uterus_Endometrium	0.0473		0.0000	undef	0.0000	
25	Uterus_Myometrium	0.0305		0.1087	0.2806	3.5642	
	Uterus_allgemein	0.0357		0.0954	0.3736	2.6765	
	Brust-Hyperplasie	0.0256					
	Prostata-Hyperplasie	0.0803					
	Samenblase	0.0801					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0494					
	Zervix	0.0426					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0417					
	Gastrointestinal	0.0611					
	Gehirn	0.0626					
40	Haematopoetisch	0.0708					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0260					
	Herz-Blutgefuesse	0.0534					
	Lunge	0.0542					
45	Nebenniere	0.0761					
	Niere	0.0988					
	Placenta	0.0303					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0251					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0204					
55	Eierstock_n	0.1595					
	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0332					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0194					
	Hoden	0.0077					
	Lunge	0.0328					
	Nerven	0.0161					
65	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0291					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	3.0675	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0250			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0230	0.1695	5.8999
	Brust	0.0179	0.0395	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0300	0.0130	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0251	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0015	0.0092	0.1600	6.2504
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0368	0.2258	4.4288
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0278			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0383	0.5085	1.9666
	Brust	0.0256	0.0714	0.3582	2.7919
	Duenn darm	0.0552	0.0331	1.6683	0.5994
	Eierstock	0.0270	0.0468	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0477	0.0451	1.0566	0.9464
10	Gastrointestinal	0.0326	0.0324	1.0058	0.9942
	Gehirn	0.0503	0.0277	1.8132	0.5515
	Haematopoetisch	0.0201	0.1894	0.1059	9.4460
	Haut	0.0367	0.2542	0.1444	6.9252
	Hepatisch	0.0476	0.0388	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0699	0.0550	1.2721	0.7861
	Hoden	0.0173	0.1403	0.1230	8.1305
	Lunge	0.0395	0.0818	0.4826	2.0720
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0613	1.1030	0.9066
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0300	1.3135	0.7613
20	Niere	0.0462	0.0616	0.7490	1.3351
	Pankreas	0.0347	0.0607	0.5711	1.7510
	Penis	0.0509	0.1600	0.3182	3.1424
	Prostata	0.0327	0.0149	2.1935	0.4559
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0543	0.1403	7.1284
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0941			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0325			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0396			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0778			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0231			
65	Prostata	0.0479			
	Sinnesorgane	0.0697			
	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0663		0.0358		1.8523	0.5399
	Brust	0.0512		0.0489		1.0470	0.9551
	Duennndarm	0.0368		0.0496		0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0779		0.0728		1.0690	0.9354
	Endokrines_Gewebe	0.0562		0.0326		1.7242	0.5800
10	Gastrointestinal	0.0345		0.0370		0.9319	1.0731
	Gehirn	0.0392		0.0524		0.7482	1.3366
	Haematopoetisch	0.0602		0.0379		1.5880	0.6297
	Haut	0.0587		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095		0.0647		0.1471	6.7999
15	Herz	0.0583		0.0550		1.0601	0.9433
	Hoden	0.0173		0.1520		0.1135	8.8080
	Lunge	0.0208		0.0491		0.4234	2.3620
	Magen-Speiseroehre	0.0387		0.0460		0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0360		0.0420		0.8567	1.1673
20	Niere	0.0380		0.0616		0.6168	1.6213
	Pankreas	0.0314		0.0884		0.3552	2.8150
	Penis	0.0689		0.0267		2.5833	0.3871
	Prostata	0.0436		0.0490		0.8901	1.1235
	Uterus_Endometrium	0.0541		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381		0.1155		0.3301	3.0296
	Uterus_allgemein	0.0815		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0831					
	Prostata-Hyperplasie	0.0446					
	Samenblase	0.0801					
30	Sinnesorgane	0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0520					
	Zervix	0.0532					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0389					
	Gehirn	0.0188					
40	Haematopoetisch	0.0472					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0260					
	Herz-Blutgefuesse	0.0498					
	Lunge	0.0614					
45	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0741					
	Placenta	0.0364					
	Prostata	0.0499					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.1595					
	Eierstock_t	0.0203					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	-Foetal	0.0093					
	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0130					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0120					
	Prostata	0.0205					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0208					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL		TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0599	0.0543	0.0543	1.1037	0.9060
	Blase	0.0507	0.0282	0.0282	1.7979	0.5562
	Brust	0.0326	0.0450	0.0450	0.7240	1.3811
	Dickdarm	0.0268	0.0313	0.0313	0.8563	1.1679
	Duennndarm	0.0439	0.0426	0.0426	1.0306	0.9703
10	Eierstock	0.0564	0.0453	0.0453	1.2443	0.8037
	Endokrines_Gewebe	0.0642	0.0530	0.0530	1.2113	0.8255
	Gehirn	0.0380	0.0379	0.0379	1.0022	0.9978
	Haut	0.0330	0.0789	0.0789	0.4190	2.3868
	Hepatisch	0.0093	0.0508	0.0508	0.1831	5.4614
15	Herz	0.0589	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0482	0.0533	0.0533	0.9047	1.1054
	Lunge	0.0389	0.0499	0.0499	0.7796	1.2828
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0256	0.0256	0.2833	3.5296
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0702	0.0702	0.3418	2.9256
20	Niere	0.0694	0.0289	0.0289	2.3984	0.4169
	Pankreas	0.0297	0.0331	0.0331	0.8974	1.1143
	Prostata	0.0443	0.0287	0.0287	1.5457	0.6470
	T_Lymphom	0.0505	0.1643	0.1643	0.3074	3.2533
	Uterus	0.0325	0.0690	0.0690	0.4715	2.1210
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0363	0.0304	0.0304	1.1948	0.8370
	Haematopoetisch	0.0495				
	Penis	0.0322				
	Samenblase	0.0493				
30	Sinnesorgane	0.0470				
		FOETUS				
		%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696				
35	Gastrointestinal	0.0750				
	Gehirn	0.0876				
	Haematopoetisch	0.0904				
	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0260				
40	Herz-Blutgefuesse	0.0854				
	Lunge	0.0867				
	Nebenniere	0.0761				
	Niere	0.0556				
	Placenta	0.0606				
45	Prostata	0.0499				
	Sinnesorgane	0.0628				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068				
	Brust_t	0.0000				
	Dickdarm_t	0.0000				
	Eierstock_n	0.1595				
	Eierstock_t	0.0101				
55	Endokrines_Gewebe	0.0245				
	Foetal	0.0284				
	Gastrointestinal	0.0732				
	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut-Muskel	0.0616				
60	Hoden_n	0.0293				
	Hoden_t	0.0000				
	Lunge_n	0.0195				
	Lunge_t	0.0000				
	Nerven	0.0261				
65	Niere_t	0.0000				
	Ovar_Uterus	0.0293				
	Prostata_n	0.0121				
	Sinnesorgane	0.0310				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

#### Beispiel 4

##### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltungsmuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).



TABELLE I

Sequenz ID No.:	Expression im Uterus-Myomgewebe:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
1	erhöht	Human mRNA for ornithine decarboxylase antizyme		779		
2	erhöht	Human MEST mRNA	"abhydro-lase"	2310		
3	erhöht	Human cocaine and amphetamine regulated transcript CART (hCART)		854	5q11.2-q13.1	D5S1730
4	erhöht	Human microfibril-associated glycoprotein (MFAP2)		1112	1p36.11-p36.13	
5	erhöht	Human mRNA for KIAA0108 gene		1051	2p23.3	D2S387
6	erhöht	Human SPARC/osteonectin	"kazal"	1516	5q32-q33.1	
7	erhöht	Homo sapiens splicing factor, arginine/serine-rich 7 (SFRS7)	"rrm"	2367	2p22.3-p22.1	WI-9798
8	erhöht	Human triosephosphate isomerase	3x "TIM"	568		
9	erhöht	Human nuclear ribonucleoprotein particle (hnRNP) C		1775		
10	erhöht	Human thymosin beta-4	"Thymosin"	509		
11	erhöht	Human growth hormone-dependent insulin-like growth factor-binding protein mRNA	"IGFBP", "thyo-globulin_1"	2191	7p12.2-p13	
12	erhöht	Human H19		1769		
13	erhöht	Human cellular retinoic acid-binding protein II (CRABP)	"lipocalin"	1026		
14	erhöht	unbekannt	"rrm"	676	14p11.2-14p11.1	WI-4204
15	erhöht	unbekannt		1254		
16	erhöht	Homolog zu Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein		537		
17	erhöht	unbekannt		823		
18	erhöht	Humanes Homolog zu P. vivax pva1 gene		1082		
19	erhöht	Human tumican mRNA	5x "LRR"	1548	12q21.31-12q21.33	D12S351
20	erhöht	Human 37 kD laminin receptor precursor/p40 ribosome associated protein	"S2"	844		
21	erhöht	Human YMP	"PMP22"	862		
22	erhöht	Human NADH:ubiquinone oxidoreductase MLRQ subunit		546		
23	erhöht	Human mRNA for coupling protein G(s) alpha-subunit	"G-alpha", "arf"	1591	20q13.32-q13.33	
24	erhöht	Human hnRNP core protein A1	"rrm"	441		
25	erhöht	Human HMG-17 gene for non-histone chromosomal protein	"HMG14_17"	1131		
26	erhöht	H.sapiens mRNA for prolactin (clone PRL205)	"hormone"	1071		

27	erhöht	Human mRNA for neurite outgrowth-promoting protein.	3x "PTN_MK"	896		
28	erhöht	H.sapiens mRNA for proliferation-associated gene (pag)	"AhpC-TSA"	1050	1p32.3-p34.3	
29	erhöht	H.sapiens alpha NAC		581		
30	erhöht	unbekannt		264		
31	erhöht	unbekannt		111		
52	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 14	"rrm"	3665	14p11.2-14p11.1	WI-4204

Legende zu den Modulen:

Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)

5 PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (<http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>)

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	
14	32
	33
	34
15	35
	36
	37
16	38
	39
17	40
	41
	42
18	43
	44
	45
30	46
	47
31	48
	49
	50
	51
52	53
	54
	55

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

5

## Sequenzprotokoll

### (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

10

#### (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

15

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

20

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 55

25

#### (iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

30

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

35

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 779 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

#### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

5   agcgagcagc ggcggcgggcg cggagagacg cagcggaggt tttcctgggt tcggacccca 60
    gcggccggat ggtgaaatcc tccctgcagc ggatcctcaa tagccactgc ttcgccagag120
    agaagggaagg ggataaaacc agcgccacca tccacgccag ccgcaccatg ccgctccta180
    gcctgcacag ccgcggcggc agcagcagtg agagtccag ggtctccctc cactgctgta240
    gtaaccgggg tccggggcct cggtggtgct cctgatgcc ctacccacc cctgaagatc300
10  ccaggtgggc gaggaatag tcaaaggac cacaatctt cagctaactt attctactcc360
    gatgatcggc tgaatgtaac agaggaaacta acgtccaacg acaagacgag gattctcaac420
    gtccagtcca ggctcacaga cgccaaacgc attactggc gaacagtgc gagtggcggc480
    actgctctac atcgagatcc cgggcggcgc gctgcccag gggagcaagg acagctttgc540
    agttctctg ggagtctgct gaggagcagc tgcgaggccg accatgtctt aatttgcttc600
15  cacaagaacc ccgaggacag agccgcctt ctccgaacct tcagctttt cgggcttgag660
    attttgagac cggggcatcc ctttggttc ccaagagacc cgacgcttg tcatgggcc720
    tacaagtttc gagagagagt ctttggggag aggaagaagg attaggggc gcgtcgggt 779

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2310 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

    gttctccgaa acatggagtc ctgtaggcaa ggtcttacct gaatcaggat gagggagtgg 60
    tgggtccagg tggggctgct ggccgtgccc ctgcttgctg cgtacctgca catcccaccc 120
45  cctcagcgct cccctgccct tcaactcatg aagtcttcag gcaagttttt cacttacaag 180
    ggactgcgta tcttctacca agactctgtg ggtgtggttg gaagtccaga gatagtgtg 240
    cttttacacg gttttccaac atccagctac gactggtaca agatttgga aggtctgacc 300
    ttgaggtttc atcgggtgat tgcccttgat ttcttaggct ttggcttcag tgacaaaccg 360
    agaccacatc actattccat atttgagcag gccagcatcg tggagcgct tttgcggcat 420
50  ctggggctcc agaaccgcag gatcaacctt ctttctcatg actatggaga tattgttgct 480
    caggagcttc tctacaggta caagcagaat cgatctggtc ggcttaccat aaagagtctc 540
    tgtctgtcaa atggaggtat ctttcctgag actcaccgtc cactccttct ccaaaagcta 600
    ctcaaagatg gaggtgtgct gtcacccatc ctcacacgac tgatgaactt ctttgattc 660
    tctcgaggtc tcaccccgat ctttgggccg tatactcggc cctctgagag tgagctgtgg 720
55  gacatgtggg cagggatccg caacaatgac gggaacttag tcattgacag tctcttacag 780

```

```

5   tacatcaatc agaggaagaa gttcagaagg cgctgggtgg gagctcttgc ctctgtaact 840
    atccccattc attttatcta tgggccattg gatcctgtaa atccctatcc agagtttttg 900
    gagctgtaca ggaaaacgct gccgcggtcc acagtgtcga ttctggatga ccacattagc 960
    cactatccac agctagagga tcccatgggc ttcttgaatg catatatggg ctatcatcaac1020
10  tccttctgag ctggaaagag tagcttccct gtattacctc ccctactccc ttatgtgttg1080
    tgtattccac ttaggaagaa atgccccaaa gaggtcctgg ccatcaaaca taattctctcl140
    acaaagtcca ctttactcaa attggtgaac agtgtatagg aagaagccag caggagctct1200
    gactaagggt gacataatag tccacctccc attactttga tatctgatca aatgtataga1260
    cttggctttg tttttgtgc tattagga aaagactttt tttaacactt tggacttctc tgaatatatt1380
10  agaagtgcta atttctggcc ccccccaac aggaattcta tagtaagggg gaggagaagg1440
    ggggctcctt ccctctctc gaatgacgtt atgggcacat gccttttaaa agttctttaal1500
    gcaacacaga gctgagtcct ctttgtcata ctttggatt tagtgtttca tcagctgttt1560
    ttagttataa acattttgtt aaaatagata ttggttttaa tgatacagta ttttaggtat1620
15  gatttaagac tatgatttac ctatacatta tatatattt ataaagata taaaccagca1680
    tacccttact ctgccagagt agtgaagcta attaaacacg tttggtttct gaataaattg1740
    aactaaatcc aaactatttc ctaaaatcac aggacattaa ggaccaatag catctgtgcc1800
    agagatgtac tgttattagc tgggaagacc aattctaaca gcaaataaca gtctgagact1860
    cctcatacct cagtgggttag aagcatgtct ctcttgagct acagtagagg ggaagggatt1920
20  gttgtgtagt caagtcacca tgctgaatgt acactgattc ctttatgatg actgcttaac1980
    tccccactgc ctgtcccaga gaggctttcc aatgtagctc agtaattcct gttactttac2040
    agacaggaaa gttccagaaa ctttaagaac aaactctgaa agacctatga gcaaatgggt2100
    ctgaatactt tttttttaa gccacatttc attgtcttag tcaaagcagg attattaagt2160
    gattatttaa aattcgtttt tttaaattag caacttcaag tataacaact ttgaaactgg2220
25  aataagtgtt tattttctat taataaaaat gaattgtgac aaaaaaaaaa aaaggcttcg2280
    gcttttgaag tctatgtgtg gggggggggg 2310

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

30

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 854 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

```

55  ctgcacgggg gctcggggtc actataaaaag gtgggagcgc gtgggtgcccc agcaacgacg 60
    agtttcagaa cgtatggagag ctcccgcgtg aggtgtgtgc ccctcctggg cgccgcctg120
    ctgctgatgc tacctctgtt gggtaccgtg gccaggagg acgccgagct ccagccccga180
    gccctggaca tctactctgc cgtggatgat gcctcccacg agaaggagct gatcgaagcg240
    ctgcaagaag tcttgaagaa gctcaagagt aaacgtgttc ccatctatga gaagaagtat300

```

```

ggccaagtcc ccatgtgtga cgccggtgag cagtgtgcag tgaggaaagg ggcaaggatc360
gggaagctgt gtgactgtcc ccgaggaaacc tcctgcaatt ccttcctcct gaagtgttta420
tgaaggggcg tccattctcc tccatacatc cccatccctc tactttcccc agaggaccac480
accttcctcc ctggagtttg gcttaagcaa cagataaagt ttttattttc ctctgaaggg540
5 aaagggtctt tttcctgctg tttcaaaaat aaaagaacac attagatgtt actgtgtgaa600
gaataatgcc ttgtatggtg ttgatacgtg tgtgaagtat tcttatttta tttgtctgac660
aaactcttgt gtacctttgt gtaaagaagg gaagctttgt ttgaaaattg tatttttgta720
tgtggcatgg cagaatgaaa attagatcta gctaattctg gtagatgtca ttacaacctg780
gaaaataaat caccctaagt gacacaaatt gaagcatgta caaattatac ataataaagt840
10 gtttttaata attg
854

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1112 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

cgccagcccc gtcggggggcc cggagggggac tcggagcggg ccaagggggcg gctccggcgg 60
gcggaactcgg agcggggcggc ggagtgaccc ggacagctgt cctctctgac accaccccg 120
cctgcctctt tgttgccatg agagctgcct acctcttcc tctattcctg cctgcaggct 180
40 tgcgtgctca gggccagtat gacctggacc cgctgcgcgc gttccctgac cacgtccagt 240
acacccacta tagcgaccag atcgacaacc cagactacta tgattatcaa gaggtgactc 300
ctcggccctc cgaggaacag ttccagttcc agtcccagca gcaagtccaa caggaagtca 360
tcccagcccc aaccccagaa ccaggaaatg cagagctgga gcccacagag cctgggcctc 420
ttgactgccg tgaggaacag taccctgtgca cccgcctcta ctccatacac aggccttgca 480
45 aacagtgtct caacgagggtc tgcttctaca gcctccgcgc tgtgtacgtc attaacaaagg 540
agatctgtgt tcgtacagtg tgtgcccag aggagctcct ccgagctgac ctctgtcggg 600
acaagttctc caaatgtggc gtgatggcca gcagcggcct gtgccaatcc gtggcggcct 660
cctgtgccag gagctgtggg agctgctagg gtggtgctgg catcctgagt cctggccctc 720
ctgggatctg gggccctcgg gccctgcctg acctggtgct tttttcccca tccccatgtt 780
50 ccttttattc tgtaaaaagt tagtggaact cagccctggg ggttgagggc tgcggtgcct 840
caggccctc cttcagcctg tggccacctc tggggcacga tgggggctcc ccactgccc 900
gtctgcccct cgggttgggg gagtatccca ggcctctctg tgggaccctg ggccctgacg 960
ggccttctca gcccgttttg aggacagaca gtcccccag gtaggctaca tccccccacc 1020
ccagctggtc tgcttgatt tcctacagcc cccgtgggca tggaccacct ttattttata 1080
55 caaaattaaa aacaagtttt tacaaaaaaa aa
1112

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1051 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

25 gcgcaggcgc gaagaagctg gcaggggcac gagccggggg cgggtttgaa gacgcgtcgt 60  
tgggttttgg aggccgtgaa acagccgttt gagtttggct gcgggtggag aacgtttgtc 120  
agggggcccg ccaagaagga ggcccgcctg ttacgatggt gtccatgagt ttcaagcgga 180  
accgcagtga ccggttctac agcaccgggt gctgcggctg ttgccatgtc cgcaccggga 240  
cgatcatcct ggggacctgg tacatggtag taaacctatt gatggcaatt ttgctgactg 300  
30 tggaagtgaac tcatccaaac tccatgccag ctgtcaacat tcagtatgaa gtcacggta 360  
attactattc gtctgagaga atggctgata atgcctgtgt tctttttgcc gtctctgttc 420  
ttatgtttat aatcagttca atgctggttt atggagcaat ttcttatcaa gtgggttggc 480  
tgattccatt cttctgttac cgactttttg acttcgtcct cagttgcctg gttgctatta 540  
gttctctcac ctatttgcca agaatcaaag aatatctgga tcaactacct gattttccct 600  
35 acaaagatga cctcctggcc ttggactcca gctgcctcct gttcattgtt cttgtgttct 660  
ttgccttatt catcattttt aaggcttatc taattaactg tgtttggaac tgctataaat 720  
acatcaacaa ccgaacgtg ccggagattg ctgtgtaccc tgcctttgaa gcacctctc 780  
agtacgtttt gccaacctat gaaatggccg tgaaaatgcc tgaaaaagaa ccaccacctc 840  
cttacttacc tgcctgaaga aattctgcct ttgacaataa atcctatacc agctttttgt 900  
40 ttgtttatgt tacagaatgc tgcaattcag ggctcttcaa acttgtttag atataaaaata 960  
tggtggccct ttgtttttaa agcaatttat tttccaaaac actaaggag cttttttgga 1020  
catctggtta aacggccttt ttgggtttt t 1051

## 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1516 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```

15 gttgtcctca tccctctcat acaggggtgac caggacgttc ttgagccagt cccgcatgcg 60
   cagggggaag aagatccatg agaaggagaa gcgcctggag gcaggagacc accccgtgga 120
   gctgctggcc cgggacttcg agaagaacta taacatgtac atcttccttg tacactggca 180
   gttcggccag ctggaccagc accccattga cgggtacctc tcccacaccg agctggctcc 240
   actgctgctc cccctcatcc ccatggagca ttgcaccacc cgcttttttcg agacctgtga 300
20 cctggacaat gacaagtaca tcgccctgga tgagtgggccc ggctgcttcg gcatcaagca 360
   gaaggatata gacaaggatc ttgtgatcta aatccactcc ttccacagta cgggattctc 420
   tctttaaccc tccccttcgt gtttccccc aatgtttaaaa tggttggtatg gtttgtgtgt 480
   ctgcctggag acaagggtgct aacatagatt taagtgaata cattaacggt gctaaaaatg 540
   aaaattctaa cccaagaaca tgacattctt agctgtaact taactattaa ggcccttttcc 600
25 acacgcatta atagtcccat ttttctcttg ccatttgtag ctttgcccat tgtcttattg 660
   ggcacatggg gtggacacgg atctgctggg ctctgcctta aacacacatt gcagcttcaa 720
   cttttctctt tagtgttctg tttgaaacta ataactaccg agtcagactt tgtgttcatt 780
   tcatttcagg gtcttggtcg cctgtgggct tccccagggtg gcctggagggt gggcaagggt 840
   aagtaacaga cacacgatgt tgtcaaggat ggttttggtg cttagaggctc agtggtggga 900
30 gagatccctg cagaaccac caaccagaac gtggtttgcc tgaggctgta actgagagaa 960
   agattctggg gctgtgttat gaaaatatag acattctcac ataagccag ttcataccca1020
   tttcctcctt tacctttcag tgcagtttct tttcacatta ggctgttggt tcaaactttt1080
   gggagcacgg actgtcagtt ctctgggaag tggtcagcgc atcctgcagg gcttctcctc1140
   ctctgtcttt tggagaacca gggctcttct caggggctct agggactgcc aggtgtttc1200
35 agccaggaag gccaaaatca agagtggatg gtagaaagtt gtaaaataga aaaagtggag1260
   ttggtgaatc ggttggttct tccctcacatt tggatgattg tcataagggt tttagcatgt1320
   tctctctttt ctccaccctc cctttttttt ccccaagaat acagagaaaa ctcaaagtta1380
   atggggaggg tcggatccta caggcctgag aatcgggtcaa ctccaagcat ttcattggaa1440
   aggcggcttc ctaattaatc ctacaaaccc ccaccaggga tggtagagggt tttcaccaat1500
40 tcttccaaaa ataaaa                                     1516

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

10  cgccgggact cttggcgggt gaagggtgtgt gtcagctttt gcgtcactcg agccctgggc 60
    gctgcttgct aaagagccga gcacgcgggt ctgtcatcat gtcgcgttac gggcggtacg 120
    gaggagaaac caaggtgtat gttggtaacc tgggaactgg cgctggcaaa ggagagttag 180
    aaagggtctt cagttattat ggtcctttta gaactgtatg gattgcgaga aatcctccag 240
    gatttgccct tgtggaattc gaagatccta gagatgcaga agatgcagta cgaggactgg 300
15  atggaaaggt gatttgtggc tcccgaagtga gggttgaact atcgacaggc atgcctcgga 360
    gatcacgttt tgatagacca cctgcccgac gtccctttga tccaaatgat agatgctatg 420
    agtgtggcga aaaggacat tatgcttatg attgtcatcg ttacagccgg cgaagaagaa 480
    gcaggtcacg gtctagatca cattctcgat ccagaggaag gcgatactct cgctcacgca 540
    gcaggagcag gggacgaagg tcaaggtcag catctcctcg acgatcaaga tctatctctc 600
20  ttcgtagatc aagatcagct tcaactcagaa gatctagggtc tggttctata aaaggatcga 660
    ggtatttcca atccccgtcg aggtcaagat caagatccag gtctatttca cgaccaagaa 720
    gcagccgatc aaagtccaga tctccatctc caaaaagaag tcgttcccc tcaggaagtc 780
    ctgcgagaag tgcaagtcct gaaagaatgg actgaagctc tcaagttcac cctttaggga 840
    aaagttattt tgtttacatt attataaggg atttgtgatg tctgtaaagt gtaacctagg 900
25  aaagataatt caaccatcta atcaaaatgg atctggatta ctatgtaa atcacagcagt 960
    aagataatat aaattttgtt gaatgtatta acatcatatg gtctgaaaat gtgggttttt1020
    atttggcaca tttaaataaa atgtttctaa ctagattttt gatttgtgtt caatattaac1080
    acttcttaat ttgatataat tgagagtcag acattataat tgtaaacctt attcatacat1140
    acctacattc agaattgaaa ggtgttggtt aagtcttgaa catcactatt ctatgcataa1200
30  aacttgccca ggatcttaag ggactttgaa aattccatct tacccttgta gctctgggtal260
    agatgacctg agtccttat gatacagcct gaatgcatca tgacagatcc ttaagttagc1320
    taatccgttt gaagttgggtg ttagtaggta ttgtatgatc agtgggtgaag caagtaggac1380
    cactgatgtg tctaaatgag catgacagga actaaacgaa actgattaaa tgtatgagaa1440
    atagaaactg atttctggat gatctttata ctaattgcag ctttcaggct actagggtggc1500
35  atagtgttaa ttaggactcc ccaagatatg gggagttcta ctctcaatgg tcttgtttct1560
    ttgctttcta cattagttaa ccagttttat accaaaaaat gcatgtttga ggaattgtct1620
    gaaattggga caaaacacct tcatgtaa acagctttgca aaattttcca gccagatac1680
    tcttcatcta tcaaatgga ttgtcttatt ctgagcaaag acctgttggt aatcttcaag1740
    ctaggttttg cagttcccaa ccacaacatt cttctatttt gccaggctgg tgcaaagtaa1800
40  ttaaagatgt caatcagaaa tgtcaatgag actaaagtgg ttttgtaa atctcagctata1860
    tttagcaaca ctccatgtag ctaatatatt ttggtagcat ctggtagacc ttagaatgtt1920
    acatagccag taggttcttt attcaaattt taagtatctt aagaatagta gggcagtaac1980
    agttactttt gagagttttc tgggtcaagct tttaccaggc attctctagc cttggtacaa2040
    aaaaaaaaaa aacctgctgg ttgctgcagat acctaggctt gtccatttta tgcatttcag2100
45  caaagtcatt ggatactatt gcaacttggg aatactgggc tgcataagtt ttattcggta2160
    gtttgaccgc tagtatgttg gaagttattt ggattgtttt tgggaatttt actggctgaa2220
    ttatgggttg tataaagtta tgtgtataac tggcaggctt atttatctgt tgcacttggg2280
    tagctttaat tgttctgtat tatttaaaaga taagtttact caacaataaa tctgcagaga2340
    ttgaacaaat aaaaaaaaaa aaaaaaa 2367
50

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 568 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

20 ctcgagccgt gggcagtgge cgcgaatgag cggagacact gaccttcagc gcctcggctc 60  
 cagcgccatg gcgcccctcca ggaagttctt cgttggggga aactggaaga tgaacgggag 120  
 gaagcagagt ctggggggagc tcatcggcac tctgaacgag gccaaaggtg cggccgacac 180  
 cgaggtggtt tgtgctcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc 240  
 caagattgct gtggctgagc agaactgcta caaagtgact aatggggctt ttactgggga 300  
 gatcagccct ggcattgatc aagactgcgg agccacgtgg gtggctcctg ggcactcaga 360  
 gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct 420  
 25 ggcagaggga ctcgagagtaa tcgcctgcat tggggagaa ctagatgaaa gggaagctgg 480  
 catcactgag aatgttggtt tcgagcagac aaaggtcatc ggggatgact tgaaggactg 540  
 gatcaagttc gtccctggcct gttggcct 568

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

ctcggggggc attttgtaga gagacgaaga ctgagcggtt gtggccgcgt tgccgacctc 60

```

cagcagcagt cggcttctct acgcagaacc cgggagtagg agactcagaa tcgaatctct 120
tctccctccc cttcttgtga gatttttttg atcttcagct acattttcgg ctttgtgaga 180
aaccttacca tcaaacacga tggccagcaa cgttaccaac aagacagatc ctcgctccat 240
gaactcccggt gtattcattg ggaatctcaa cactcttgtg gtcaagaaat ctgatgtgga 300
5 ggcaatcttt tcgaagtatg gcaaaaattgt gggctgctct gtccataagg gctttgcctt 360
cgttcagtat gttaatgaga gaaatgcccg ggctgctgta gcaggagagg atggcagaat 420
gattgctggc cagggttttag atattaacct ggctgcagag ccaaaaagtga accgaggaaa 480
agcagggtgtg aaacgatctg cagcggagat gtacggctcc tcttttgact tggactatga 540
ctttcaacgg gactattatg ataggatgta cagttacca gcacgtgtac ctctctctcc 600
10 tcttattgct cgggctgtag tgccctcgaa acgtcagcgt gtatcaggaa acacttcacg 660
aaggggcaaa agtggcttca attctaagag tggacagcgg ggatcttcca agtctggaaa 720
gttgaaagga gatgaccttc aggccattaa gaaggagctg acccagataa aacaaaaaagt 780
ggattctctc ctggaaaaacc tggaaaaaat tgaaaaggaa cagagcaaac aagcagtaga 840
gatgaagaat gataagtcag aagaggagca gagcagcagc tccgtgaaga aagatgagac 900
15 taatgtgaag atggagtctg aggggggtgc agatgactct gctgaggagg gggacctact 960
ggatgatgat gataatgaag atcgggggga tgaccagctg gagttgatca aggatgatga1020
aaaaagaggct gaggaaggag aggatgacag agacagcgcc aatggcgagg atgactctta1080
agcacatagt ggggtttaga aatcttatcc cattatttct ttacctaggc gcttgtctaa1140
gatcaaatTT ttcaccagat cctctcccct agtatcttca gcacatgctc actgttctcc1200
20 ccatccttgt ccttcccattg ttcatttaatt catattgccc cgcgcctagt cccattttca1260
cttcctttga cgctcctagt agttttgtta agtcttacct tgtaattttt gcttttaatt1320
ttgataacctc tttatgactt aacaataaaa aggatgtatg gtttttatca actgtctccal380
aaataatctc ttgttatgca gggagtacag ttcttttcat tcatacataa gttcagtagt1440
tgcttcccta actgcaaagg caatctcatt tagttgagta gctcttgaaa gcagctttga1500
25 gttagaagta tgtgtgttac accctcacat tagtgtgctg tgtggggcag ttcaacacaa1560
atgtaacaat gtatttttgt gaatgagagt tggcatgtca aatgcatcct ctagaaaaat1620
aattagtgtt atagtcttaa gatttgtttt ctaaaagtga tactgtgggt tatttttgtg1680
aacagcctga tgtttgggac cttttttcct caaaataaac aagtccttat taaaccagga1740
at ttggagaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1775
30

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 509 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

### 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:10

55 caggctcaggt ggccactgcg cagaccagac ttcgctcgta ctgctgcgcc tcgcttcgct 60  
tttccctccgc aaccatgtct gacaaacccg atatggctga gatcgagaaa ttcgataagt120  
cgaaactgaa gaagacagag acgcaagaga aaaatccact gccttccaaa gaaacgattg180

aacaggagaa gcaagcaggc gaatcgtaat gaggcgtgcg ccgccaatat gcactgtaca240  
 ttccacaagc attgccttct tattttactt ctttttagctg tttaactttg taagatgcaa300  
 agaggttgga tcaagtttaa atgactgtgc tgccctttc acatcaaagg gactacttga360  
 acaacggaag ggccgcggcc tacctttccc atctgtctat ctatctggct ggcagggaag420  
 5 ggaagagttg caggttggtg aggaagaagt ggggtggaag aagttggatg ggccgccagt480  
 aaaacttggg taaaccgaac ttggccaag 509

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2191 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

### 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

actgagcag ggcagccgt ggcgcattcta caccgagcgc tgtggctccg gccttcgctg 60  
 ccagccgtcg cccgacgagg cgcgaccgct gcaggcgtcg ctggacggcc gcgggctctg 120  
 cgtcaacgct agtgccgtca gccgcctgcg cgcctacctg ctgccagcgc cgccagctcc 180  
 35 aggaaatgct agtgagtcgg aggaagaccg cagcgccggc agtgtggaga gcccgtccgt 240  
 ctccagcagc caccgggtgt ctgatcccaa gtccacccc ctccattcaa agataatcat 300  
 catcaagaaa ggcgatgcta aagacagcca gcgctacaaa gttgactacg agtctcagag 360  
 cacagatacc cagaacttct cctccgagtc caagcgggag acagaatatg gtccctgccg 420  
 tagagaaatg gaagacacac tgaatcacct gaagtctctc aatgtgctga gtcccagggg 480  
 40 tgtacacatt cccaactgtg acaagaaggg attttataag aaaaagcagt gtcgcccttc 540  
 caaaggcagg aagcggggct tctgctggtg tgtggataag tatgggcagc ctctcccagg 600  
 ctacaccacc aaggggaagg aggacgtgca ctgctacagc atgcagagca agtagacgcc 660  
 tgccgcaagg ttaatgtgga gctcaaatat gccttatttt gcacaaaaga ctgccaagga 720  
 catgaccagc agctggctac agcctcgatt tataatttctg tttgtggtga actgattttt 780  
 45 tttaaaccaa agtttagaaa gaggtttttt aaatgcctat ggtttctttg aatggtaaac 840  
 ttgagcatct tttcactttc cagtagtcag caaagagcag tttgaatttt cttgtcgctt 900  
 cctatcaaaa tattcagaga ctcgagcaca gcacccagac ttcatgcgcc cgtggaatgc 960  
 tcaccacatg ttggtcgaag cggccgacca ctgactttgt gacttaggcg gctgtgttgcl1020  
 ctatgtagag aacacgcttc acccccactc cccgtacagt gcgcacaggc tttatcgagcl1080  
 50 ataggaaaac ctttaaacc cgggtcatccg gacatcccaa cgcagtctcc tggagctcac1140  
 agccttctgt ggtgtcattt ctgaaacaag ggcgtggatc cctcaaccaa gaagaatgtt1200  
 tatgtcttca agtgacctgt actgcttggt gactattgga gaaaataagg tggagtcctal1260  
 cttgttttaa aaatatgtat ctaagaatgt tctagggcac tctgggaacc tataaaggcal1320  
 ggtatttcgg gccctcctct tcaggaatct tctgaagac atggccagc cgaaggcccal1380  
 55 ggatggcttt tgctgcggcc ccgtggggta ggagggacag agagacaggg agagtcagcc1440  
 tccacattca gaggcattcac aagtaatggc acaattcttc ggatgactgc agaaaatagt1500  
 gttttgtagt tcaacaactc aagacgaagc ttattttctga ggataagctc tttaaaggcal1560

```

aagctttatt ttcattctctc atcttttgtc ctccttagca caatgtaaaa aagaatagta1620
atatcagaac aggaaggagg aatgggttgc tggggagccc atccaggaca ctgggagcac1680
atagagattc acccatgttt gttgaactta gagtcattct catgcttttc ttataattc1740
acacatatat gcagagaaga tatgttcttg ttaacattgt atacaacata gccccaaata1800
5 tagtaagatc tatactagat aatcctagat gaaatgttag agatgctata tgatacaact1860
gtggccatga ctgaggaaaag gagctcacgc ccagagactg ggctgctctc ccggaggcca1920
aacccaagaa ggtctggcaa agtcaggctc agggagactc tgccctgctg cagacctcgg1980
tgtggacaca cgctgcatag agctctcctt gaaaacagag gggctctcaag acattctgcc2040
tacctattag cttttcttta tttttttaac tttttggggg gaaaagtatt tttgagaagt2100
10 ttgtcttgca atgtatttat aaatagtaaa taaagttttt accattaaaa aaaaaaggag2160
taaaaagaaa aaaaagggcg gccgcgcact a 2191

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1769 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

```

attattttaca tttaaataaata attcccctta atcgttttac tcctaagttc attaccattg 60
ttggcccacc ttaggttcca ccacttggtt gttacccag cctgggttc aaacaggagac 120
40 atggcaaggg gacacaggag agaggggtcc ccagctgcca cctcaccac cgcaattcat 180
ttagtagcag gcacaggggc agctccggca cggctttctc aggcctatgc cggagcctcg 240
agggtctggag agcgggaaga caggcagtgc tcggggagtt gcagcaggac gtcaccagga 300
gggcgaacgg ccacgggagg ggggccccgg gacattgcgc agcaaggagg ctgcaggggc 360
tcggcctgcg ggcgcgggtc ccacgaggca ctgcggccca gggcttggtg cggagagggc 420
45 ccacagtga cttggtgacg ctgtatgcc tcaccgctca gcccctggg ctggcttggc 480
agacagtaca gcattcaggg gactcaagg catggggcga gaccagacta ggcgaggcgg 540
gcggggcgga gtgaatgagc tctcaggagg gaggatggtg caggcagggg tgaggagcgc 600
agggggcggc gagcgggagg cactggcctc cagagcccg ggccaaggcg ggcctcgcgg 660
gcggcgacgg agccgggatc ggtgcctcag cgttcgggt ggagacgagg ccaggtctcc 720
50 agctggggtg gacgtgcca ccagctgccg aaggcaagac gccaggtccg gtggacgtga 780
caagcaggac atgacatggt ccggtgtgac ggcgaggaca gaggaggcgc gtccggcctt 840
cctgaacacc ttaggtctgt ggggctgcgg caagaagcgg gtctgtttct ttacttctc 900
cacggagtcc gcacactatg gctgcctctc gggctcccag aaccacaac atgaaagaaa 960
tggtgctacc cagctcaagc ctgggccttt gaatccggac aaaaaaccct ctagcttggal1020
55 aatgaatatg ctgcacttta caaccactgc actacctgac tcaggaatcg gctctggaag1080
gtgaagctag aggaaccaga cctcatcagc ccaacatcaa agacaccatc ggaacagcag1140
cgcccgacgc acccaccgcg caccggcgac tccatcttca tggccacccc ctgcggcgga1200

```

```

cggttgacca ccagccacca catcatccca gagctgagct cctccagcgg gatgacgccg1260
tccccaccac ctccctcttc ttctttttca tccttctgtc tctttgtttc tgagctttcc1320
tgtctttcct tttttctgag agattcaaaag cctccacgac tctgtttccc ccgtcccttc1380
tgaatttaaat ttgactaag tcatattgca tgggtggagt tgtggagacg gccttgagtc1440
5 tcagtacgag tgtgcgtgag tgtgagccac cttggcaagt gcctgtgcag ggcccggccg1500
ccctccatct gggccgggtg actgggcgcc ggctgtgtgc ccgaggcctc accctgccct1560
cgcctagtct ggaagctccg accgacatca cggagcagcc ttcaagcatt ccattacgcc1620
ccatctcgct ctgtgcccct cccaccagg gcttcagcag gagccctgga ctcatcatca1680
ataaacactg ttacagcaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1740
10 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1769

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1026 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

aaaagctgtc cgcgcgggga gcccaggggc agctttgggg ttgtccctgg acttgtcttg 60
gttccagaac ctgacgaccc ggcgacggcg acgtctcttt tgactaaaag acagtgtcca 120
gtgctccagc ctaggagtct acggggaccg cctcccgccg cgccaccatg cccaacttct 180
40 ctggcaactg gaaaatcatc cgatcggaag acttcgagga attgctcaaa gtgctggggg 240
tgaatgtgat gctgaggaag attgctgtgg ctgcagcgtc caagccagca gtggagatca 300
aacaggaggg agacactttc tacatcaaaa cctccaccac cgtgcgcacc acagagatta 360
acttcaaggt tggggaggag tttgaggagc agactgtgga tgggaggccc tgtaagagcc 420
tgggtgaaatg ggagagttag aataaaatgg tctgtgagca gaagctcctg aaggggagagg 480
55 gccccaaagc ctggtggacc agagaactga ccaacgatgg ggaactgac ctgaccatga 540
cggcggatga cgttgtgtgc accagggtct acgtccgaga gtgagtggcc acaggtagaa 600
ccgcggccga agcccaccac tggccatgct caccgcccct ctactgcc ccctccgtcc 660
caccctctcc ttctaggata gcgctcccct taccacagtc acttctgggg gtcactggga 720
tgctcttgc agggctcttg tttctttgac ctcttctctc ctcccctaca ccaacaaaga 780
60 ggaatggctg caagagccca gatcacccat tccgggttca ctcccgcct cccaagtca 840
gcagtcctag ccccaaacca gcccagagca ggtctctctt aaaggggact tgagggcctg 900
agcaggaaaag actggccctc tagcttctac cctttgtccc tgtagcctat acagttaga 960
atattttttt gttaatttta ttaaaatgct ttaaaaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1020
aaaaaa 1026

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 676 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```

25  ggccattttg tgaagagacg aagactgagc ggttgtggcc gcgttgccga cctccagcag 60
    cagtcggcctt ctctacgcag aaccgaggag taggagactc agaatcgaat ctcttctccc120
    tcccccttctt gggcagcaag gcgaacccca tccctactca ctggagctca gctttgattt180
    ttaacctccc ttccccaccc ttccagaaca cacacattcc attccaaaac tgattttata240
    aagacatttt aaacataatg atgcaacttg gtgtgcacta cagcaaatgt acaggtgttt300
30  tttttttaat tgtttccaaa accgggacct ggatttaaga tgtaattttt aaaattttcta360
    tttctatttt ttccgcagca gttgggtagg aggaggagga gccttttagc ctcccagaaa420
    ctgacctctc tacttcctcg tgtattttta agattgattg atgatgtgga aagggctttg480
    ctgtctgct actgaaaact ttatccttgc ggtttttgtg gaactgcggt tggaaagaga540
    aaagaaatga actttactga cttgacattt tgcacctccc ggttttcgaa tctgggcaat600
35  ttttaattttg gttttacagt gagagttttt gatctcagca cagaagtaat ccaatttttt660
    tttagcatttt ccgact
  
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN



(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

10  cggctcgagc agctcgagcg gctcaaacac ctcatttgac cttgccagct gaccttcaaa 60
    cccctgcattt gaaccgacca acattaagtc cagagagtaa acttgaatgg aataacgaca 120
    ttccagaagt taatcatttg aattctgaac actggagaaa aaccgaaaaa tggacggggc 180
    atgaagagac taatcatctg gaaaccgatt tcagtggcga tggcatgaca gagctagagc 240
    tcggggccag ccccaggtcg cagcccatte gcaggcaccg gaaagaactt ccccgatatg 300
15  gtggctcctgg aaaggacatt tttgaagatc aactatatct tcctgtgcat tccgatggaa 360
    tttcagttca tcagatgttc accatggcca ccgcagaaca ccgaagtaat tccagcatag 420
    cggggaagat gttgaccaag gtggagaaga atcacgaaaa ggagaagtca cagcacctag 480
    aaggcagcgc ctctctttca ctctcctctg attagatgaa actgttacct taccctaaac 540
    acagtatttc tttttaactt ttttatttgt aaactaataa aggtaatcac agccaccaac 600
20  attccaagct accctgggta cctttgtgca gtagaagcta gtgagcatgt gagcaagcgg 660
    tgtgcacacg gagactcatc gttataattt actatctgcc aagagtagaa agaaaggctg 720
    gggatatttg ggttggcttg gttttgattt tttgcttggt tgtttgtttt gtactaaaac 780
    agtattatct tttgaatata gtagggacat aagtatatac atgttatcca atcaagatgg 840
    ctagaatggt gcctttctga gtgtctaaaa cttgacaccc ctggtaaatc tttcaacaca 900
25  cttccactgc ctgctgaatg aagttttgat tcatttttaa ccactggaat ttttcaatgc 960
    cgtcattttc agttagatga ttttgcactt tgagattaaa atgccatgtc tatttgattat 1020
    gtcttatttt tttattttta caggcttata agtctcactg ttggctgtca ttgtgacaaa 1080
    gtcaaataaa cccccaagga cgacacacag tatggatcac atattgtttg acattaagct 1140
    tttgccagaa aatgttgcag gtgttttacc tcgacttgct aaaatcgatt agcagaaagg 1200
30  catggctaata aatgttggtg gtgaaaataa ataaataagt aaacaaaaag aaaa 1254
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 537 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

ggccccgggcc cccaccctcg acatgcgctt ccggcgacgc cttagcgctg acccccacgc 60
aaccacgcga aactccgcgg aggcgcgcgg cacgatggac ggtcgggtgc agctgatgaa120
ggccctcctg gccgggcccc tccggcccgc ggcgcgtcgc tggaggaacc cgattccctt180
5 tcccgagacg tttgacggag ataccgaccg actcccgagg ttcacgtgc agacgtgctc240
ctacatgttc gtggacgaga acacgttctc caacgacgcc ctgaagggtga cgttcctcat300
caccgcctc acggggccag cctgcagtg ggtgatcccc tacatcagga aggagagccc360
cctgctcaat gattaccggg gctttctggc cgagatgaag cgagtctttg gatgggagga420
ggacgaggac ttctaggccg ggagaccctc gggcctgggg gcgggtgctc tgggaagagt480
10 tcgctgtgcc agtggccacc gctagggtct ccacaggcgc cctccccagg gaatgct 537

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 823 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

35 tagactgaac aggaggggga gtcctgggta gcgcgccggt ctaaactcgtt acttggcgga 60
aagttcccat gagtctttgc cagcgtcccc ctccctttgt gaggattggg atattccgac120
tccttaaggg cctggcgcac ataagggtgtg accttttcat tcccggtgtt atggagggcc180
acatctgcca gagcctggag tctgcgaagg ccgggacccg gttccccggc ccacagtggg240
40 ggtgtgcaaa cccgagagaa ctgggttgca aattcgtgaa gaatcagcat catgtttggc300
agctgagtat tggagccagg agcctgccat gaggttttga gaacagagtg ctgttttaga360
gctggcagca gcatctcagc ccaagagaag gttatattcc cagaggatgt cagtcccaag420
gaccagtagc tgccatcagt ttggattctg aaaactaact ggcataca ca ctgggtgtag480
aaacatgctt gccttatgta tcagaggaca tgctcagcag atccaagaga tatatttggc540
45 aactttttct agaaaaggca cattgggtat cattcattac attcttgagg ttttttggg600
tttttttttt ttttttttga gacagtcttg ctgtattgcc caggctggga gtgtgggtggc660
acaatcacag ctcatcgcat cctcaatcac ccagggccta agcaatcctc ccaccttgta720
gctgggacta cagtcacag cacaccgggc taaaattttt tttgttgag acggtttttc780
tatgttgccc ggggtggttt cagggtccgg ggttcagatg gtc 823
50

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 55 (A) LÄNGE: 1082 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

20  gggcgacacat aaggtgtgac cttttcattc ccgttggttat ggagggccac atctgccaga 60
    gcctggagtc tgcgaaggcc gggacccggt tccccggccc acagtggggg tgtgcaaacc 120
    cgagagaact ggtcgctgaa acctctacaa cttagtgtgac cgtaactgcc agagccctgc 180
    cctgaattcc tgtccttact ccctctttaa gattgcgtac ccactgcaga gtgctgaaga 240
    cggggtagcc acgaggttgc aaattcgtga agaatacagca tcatgttttg cagctgagta 300
25  ttggagccag gagcctgcca tgagggtttg agaacagagt gctgttttag agctggcagc 360
    agcatctcag cccaagagaa ggttatatcc ccagaggatg tcagtcccaa ggaccagtag 420
    ctgccatcag tttggattct gaaaactaac tggcatcaac actgggtgta gaaacatgct 480
    tgccttatgt atcagaggac atgctcagca gatccaagag atatatttgg caactttttc 540
    tagaaaaggc acattgggta tcattcatta cattcttgag tttttttggg tttttttttt 600
30  ttttttttga gacagtcttg ctgtattgcc caggctggag tgtgggtggc caatcacagc 660
    tcattgcata ctcaatcacc caggcctaag caatcctccc accttgtagc tgggactaca 720
    gctcacagca cacctggcta aaattttttt tttgttgaga cggattctct atgttgccca 780
    ggctggtctc aggtcctctg gctcagatgg tcctcctgcc tcagcttcca aaggcacagg 840
    ccaagtgtga gctttgtccc ttgccatcat gcccaacaag aggttctata ctttttaatg 900
35  aattgacttt cataaattgg ttatgttggg gggcaagttc tttaagctgg aaattgtaaa 960
    ttctcctga aatgtttttt catgcagtta ccatgaacta atactacaat aaaggatggt 1020
    cttgggtgtc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1080
    aa                                     1082

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1548 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
45 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

10  cccattccat aggggaatgag ctgggctgtc ctttctcccc acgttcacct gcacttcggt 60
    agagagcagt gttcacatgc cacaccacaa gatccccaca atgacataac tccattcaga 120
    gactggcgtg actgggctgg gtctccccac ccccccttc agctcttgta tactcagaa 180
    tctggcagcc agttccgctc tgacagagtt cacagcatat attggtggat tcttgtccat 240
    agtgcattctg ctttaagaat taacgaaagc agtgtcaaga cagtaaggat tcaaaccatt 300
15  tgccaaaaat gagtctaagt gcatttactc tcttcctggc attgattggg ggtaccagtg 360
    gccagtacta tgattatgat tttcccttat caatttatgg gcaatcatca ccaaactgtg 420
    caccagaatg taactgccct gaaagctacc caagtgccat gtactgtgat gagctgaaat 480
    tgaaaagtgt accaatgggt cctcctggaa tcaagtatct ttacctagg aataaccaga 540
    ttgaccatat tgatgaaaag gcctttgaga atgtaactga tctgcagtgg ctcatcttag 600
20  atcacaacct tctagaaaac tccaagataa aaggggagagt tttctctaaa ttgaaacaac 660
    tgaagaagct gcatataaac cacaacaacc tgacagagtc tgtgggcca cttcccaa 720
    ctctggagga tctgcagctt actcataaca agatcacaaa gctgggctct tttgaaggat 780
    tggtaaacct gaccttcac cactccagc acaatcggct gaaagaggat gctgtttcag 840
    ctgcttttaa aggtctttaa tcaactgaat accttgactt gagcttcaat cagatagcca 900
25  gactgccttc tggctctcct gtctctcttc taactctcta cttagacaac aataagatca 960
    gcaacatccc tgatgagtat ttcaagcgtt ttaatgcatt gcagtatctg cgtttatctc 1020
    acaacgaact ggctgatagt ggaataacct gaaattcttt caatgtgtca tccctgggtg 1080
    agctggatct gtcctataac aagcttaaaa acataccaac tgtcaatgaa aaccttgaaa 1140
    actattacct ggaggtcaat caacttgaga agtttgacat aaagagcttc tgcaagatcc 1200
30  tggggccatt atcctactcc aagatgaagt atttgcttt ggatggcaat cgcattctcag 1260
    aaaccagtct tccaccggat atgtatgaat gtctacgtgt tgctaacgaa gtcactctta 1320
    attaatatct gtatcctgga acaatatatt atggttatgt ttttctgtgt gtcagttttc 1380
    atagtatcca tattttatta ctgtttatta cttccatgaa ttttaaaatc tgaggggaaa 1440
    gttttgtaaa catttatatt tttttaagg aaaaggatgg aaaggccagg gcctaatttc 1500
35  catccaccaa ggaacacacc acattattcc acggaatagg ccacgagg 1548
  
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 844 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

55

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

5      acctgcagag ggggtccatac ggcgttggtc tggattcccc tcgtaactta aagggaatt 60
      ttcacaatgt ccggagccct tgatgtcctg caaatgaagg aggaggatgt ccttaagttc120
      cttgcagcag gaacccactt aggtggcacc aatcttgact tccagatgga acagtacatc180
      tataaaagga aaagtgatgg catctatata ataatctca agaggacctg ggagaagctt240
10     ctgctggcag ctctgtgcaat tgttgccatt gaaaaccctg ctgatgtcag tgttatatcc300
      tccaggaata ctggccagag ggctgtgctg aagtttgctg ctgccactgg agccactcca360
      attgctggcc gcttcaactc tggaaacctc actaaccaga tccaggcagc ctccggggag420
      ccacggcttc ttgtggttac tgaccccagg gctgaccacc agcctctcac ggaggcatct480
      tatgttaacc tacctaccat tgcgtgtgtt aacacagatt ctctctgctg ctatgtggac540
15     attgcaatcc catgcaacaa caaggtaatg attttaggat cttagagttt tgaatgcgtg600
      ctctagaaaa aacattcctg tgcacattgt tagagcttgg agttgaggct actgactggc660
      cgatgaactc gcaagtgtag gtagtgtgct acatgagggg caagttttcg ctaacaccac720
      aagggtctct ggccaatga gtggagtttg atagtaattc ttgctacaag tataacatta780
      ctgcatgaca gctttgtgga gaaatgaaaa catttgaaa atagtgtgtt ctctgccttg840
20     tcca
      844

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 862 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

45     gagcaagaga gaaggaggcc cagacagtga gggcaggagg gagagaagag acgcagaagg 60
      agagcgagcg agagagaaa ggttcttgat tgggggggag agcaaggag ggaggaaggc120
      ggtgagagag gcgggggcct cgggagggg aaagggggga ggagaaggc ggggcacgga180
      ggcccgagcg agggacaaga ctccgactcc agctctgact tttttcgcgg ctctcggctt240
50     ccactgcagc catgtcactc ctcttgctgg tggctcagc ccttcacatc ctcatctta300
      tactgctttt cgtggccact ttggacaagt cctggtggac tctccctggg aaagagtccc360
      tgaatctctg gtacgactgc acgtggaaca acgacaccaa aacatgggccc tgcagtaatg420
      tcagcgagaa tggctggctg aaggcggtgc aggtcctcat ggtgctctcc ctcatctct480
      gctgtctctc ctctcatctg ttcatgttcc agctctacac catgcgacga ggaggtctct540
55     tctatgccac cggcctctgc cagctttgca ccagcgtggc ggtgtttact ggcgccttga600

```

```

tctatgccat tcacgccgag gagatcctgg agaagcaccc gcgagggggc agcttcggat660
actgcttcgc cctggcctgg gtggccttcc cctcgcctt ggtcagcggc atcatctaca720
tccacctacg gaagcgggag tgagcgcccc gcctcgctcg gctgcccccg ccccttccc780
gccccctcg ccgcgcgtcc tccaaaaaat aaaaccttaa ccgcggggaa aaaaaaaaaa840
5 aaaaaggaag gaaaaaaaaa aa                                     862

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 546 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:22

```

cccagccaag ggtccttcag gtaggaggtc ctgggtgact ttggaagtcc gtagtgtctc 60
attgcagata atttttagct tagggcctgg tggctaggtc ggttctctcc tttccagtcg120
gagacctctg ccgcaaacat gctccgccag atcatcggtc aggccaagaa gcatccgagc180
35 ttgatcccc tctttgtatt tattggaact ggagctactg gagcaacact gtatctcttg240
cgtctggcat tgttcaatcc agatgtttgt tgggacagaa ataaccaga gccctggaac300
aaactgggtc ccaatgatca atacaagttc tactcagtga atgtggatta cagcaagctg360
aagaaggaac gtccagattt ctaaatgaaa tgtttcacta taacgctgct ttagaatgaa420
ggtcttccag aagccacatc cgcacaattt tccacttaac caggaaatat ttctcctctt480
40 aaatgaatga aatcaatggt ggggggcgct attggaagcc ctattggggt tcaagtgttg540
aataaa                                     546

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1591 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

15 gccgaggagc cgagcccgcc accccccccg cgcgccgcgc ccgccatggg ctgcctcggg 60
aacagtaaga ccgaggacca gcgcaacgag gagaaggcgc aggtgaggcc aacaaaaaga 120
tcgagaagca gctgcagaag gacaagcagg tctaccgggc cacgcaccgc ctgctgctgc 180
tggtgtctgg agaattctgtg aaaagcacca ttgtgaagca gatgaggatc ctgcatgtta 240
atgggtttta tggagacagt gagaaggcaa ccaaagtgcg ggacatcaaa aacaacctga 300
aagaggcgat tgaaaccatt gtggccgcca tgagcaacct ggtgcccccc gtggagctgg 360
20 ccaaccccgga gaaccagttc agagtggact acattctgag tgtgatgaac gtgcctgact 420
ttgacttccc tcccgaattc tatgagcatg ccaaggctct gtgggaggat gaaggagtgc 480
gtgcctgcta cgaacgctcc aacgagtacc agctgattga ctgtgcccag tacttctgg 540
acaagatcga cgtgatcaag caggctgact atgtgccgag cgatcaggac ctgcttcgct 600
gccgtgtcct gacttctgga atctttgaga ccaagttcca ggtggacaaa gtcaacttcc 660
25 acatgtttga cgtgggtggc cagcgcgatg aacgccgcaa gtggatccag tgcttcaacg 720
atgtgactgc catcatcttc gtggtggcca gcagcagcta caacatggtc atccgggagg 780
acaaccagac caaccgcctg caggaggctc tgaacctctt caagagcatc tggaacaaca 840
gatggctgcg caccatctct gtgatcctgt tcctcaacaa gcaagatctg ctgctgaga 900
aagtccttgc tgggaaatcg aagattgagg actactttcc agaatttgct cgctacacta 960
30 ctcttgagga tgctactccc gagcccgagg aggaccacg cgtgaccggg gccaaagtact 1020
tcattcgaga tgagtttctg aggatcagca ctgccagtgg agatgggctg cactactgct 1080
accctcattt cacctgcgct gtggacactg agaacatccg ccgtgtgttc aacgactgcc 1140
gtgacatcat tcagcgcgat cacttctgct agtacgagct gctctaagaa gggaaccccc 1200
aaatttaatt aaagccttaa gcacaattaa taaaagtga aacgtaattg tacaagcagt 1260
35 taatcaccca ccatagggca tgattaacaa agcaaccttt cccttcccc gagtgatttt 1320
gcgaaccccc cttttccctt cagcttgctt agatgttcca aatttagaaa gcttaaggcg 1380
gcctacagaa aaaggaaaaa aggccacaaa agttccctct cactttcagt aaaaaataat 1440
aaaacagcag cagcaacaaa ataaaatgaa ataaaagaaa caaatgaaat aaatattgtg 1500
ttgtgcagca ttaaaaaaaa tcaaaaataa aattaaatgt gagcaaagga aaaaaaaaaa 1560
40 ggcaaaaggg gaaagaagaa aagggggggg g 1591

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 441 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

10  ggcaggcaga tacgttcgtc agcttgctcc tttctgcccc tggacgccgc cgaagaagca 60
    tcgttaaagt ctctcttcac cctgccgtca tgtctaagtc agagtctcct aaagagcccg 120
    aacagctgag gaagctcttc attggagggt tgagctttga aacaactgat gagagcctga 180
    ggagccattt tgagcaatgg ggaacgctca cggactgtgt ggtaatgaga gatccaaaca 240
    ccaagcgctc caggggcttt gggtttgtca catatgccac tgtggaggag gtggatgcag 300
15  ctatgaatgc aaggccacac aaggtggatg gaagagttgt ggaaccaaag agagctgttt 360
    cagagaagat ttgaaaagcc aggtgccact tacctgtgaa aaggtatttg ttggtggatt 420
    aaggagcact tgagacatca c                                     441
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1131 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

    cgggaggtga aatccggttc taaccggtcc ggggctccca gcgctataaa aactttataa 60
    accccccgga gcccagagcag tgtgaagaag aggcgagaaac gacccccgga ccgaccaaag 120
45  cccgcgcgcc gctgcatccc gcgtccagca cctacgtccc gctgccgtcg ccgccgccac 180
    catgcccgaag agaaaaggctg aaggggatgc taaggagat aaagcaaagg tgaaggacga 240
    accacagaga agatccgcga ggttgtctgc taaacctgct cctccaaagc cagagcccaa 300
    gcctaaaaag gccctgcaa agaagggaga gaaggtaccc aaagggaaga agggaaaagc 360
    tgatgctggc aaggagggga ataaccctgc agaaaatgga gatgccaaaa cagaccaggc 420
50  acagaaagct gaaggtgctg gagatgccaa gtgaagtgtg tgcatTTTTTg ataactgtgt 480
    acttctggtg actgtacagt ttgaaatact attttttatc aagttttata aaaatgcaga 540
    attttgtttt actttttttt tttttttaa agctatgttg ttagcacaca gaacacttca 600
    ttgttgtttt tgggggaagg ggcataatgc actaatagaa tgtctccaaa gctggattga 660
    tgtggagaaa acacctttcc cttctagttt tgagagactt cctcttggct cccaggagga 720
  
```



```

gggattccct gactttgaca cacatggcca ccttggcaca aaagccttgt ggtatagaaa 780
aacaaatttg tttttatgtc ctcttctccc tttccatctt tcagcataga cttaactccc 840
ttaagccag acatctgttg agacctgacc cctagtcatt ggttaccagt gtgtcaggca 900
atctggactt tccagtgtg ccactgagat ggcacctgtc aaaagagcag tggttccatt 960
5 tctagattgt ggatcttcag ataaattctg ccattttcat ttcacttcct gaaagtcagg1020
gtcggcttgt gaaaagttgt taaacaacat gctaaatgtg aaatgtcaac cctcactcta1080
aaacttttcc ctgggtcaga ggatccgatg gaggacttca attggggggtt t 1131

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1071 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gtaccctcaa agacagagac accaagaaga atcggaacat acaggctttg atatcaaagg 60
tttataaagc caatatctgg gaaagagaaa accgtgagac ttccagatct tctctggtga 120
35 agtgttggtt cctgcaacga tcacgaacat gaacatcaaa ggatcgccat ggaaagggtc 180
cctcctgctg ctgctggtgt caaacctgct cctgtgccag agcgtggccc ccttgcccat 240
ctgtcccggc ggggctgccc gatgccagg gacccttcga gacctgttg accgcgccgt 300
cgctcctgtc cactacatcc ataacctctc ctcaaaaatg ttcagcgaat tcgataaacg 360
gtatacccat ggccgggggt tcattaccaa ggccatcaac agctgccaca cttcttccct 420
40 tgccaccccc gaagacaagg agcaagccca acagatgaat caaaaagact ttctgagcct 480
gatagtcagc atattgcat cctggaatga gcctctgtat catctggtca cggaagtacg 540
tggtatgcaa gaagccccgg aggctatcct atccaaaagct gtagagattg aggagcaaac 600
caaacggctt ctgaggggca tggagctgat agtcagccag gttcatcctg aaaccaaaga 660
aatgagatc taccctgtct ggtcgggact tccatccctg cagatggctg atgaagagtc 720
45 tgcctttct gcttattata acctgtccca ctgcctacgc agggattcac ataaaatcga 780
caattatctc aagctcctga agtgccgaat catccacaac aacaactgct aagcccacat 840
ccatttcate tatttctgag aaggctccta atgatccgtt ccattgcaag cttcttttag 900
ttgtatctct tttgaatcca tgcttgggtg taacaggctt cctcttaaaa aataaaaaact 960
gactccttag agacatcaaa atctaaaaaa acttaatggg ccgggcgcag tggctcatgg1020
50 ctgtggtccc ggcactttgg gaggccgagg caggcggatc aggaggtcag g 1071

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 896 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27

20  
gtgaccggct cagaccggtt ctggagacaa aaggggccgc ggccggccgga gcgggacggg 60  
cccggcgcgg gagggagcga agagcgcggg cagcgagcga gatgcagcac cgaggcttcc120  
tcctcctcac cctcctcgcc ctgctggcgc tcacctccgc ggtcgccaaa aagaaagata180  
aggtgaagaa gggcgcccg gggagcgagt gcgctgagt ggctggggg ccctgcaccc240  
25 ccagcagcaa ggattgcggc gtgggtttcc gcgagggcac ctgcggggcc cagacccagc300  
gcatccggtg cagggtgccc tgcaactgga agaaggagt tggagccgac tgcaagtaca360  
agtttgagaa ctggggtgcg tgtgatggg gcacaggcac caaagtcgc caaggcacc420  
tgaagaaggc gcgctacaat gctcagtgc aggagaccat ccgcgtcacc aagccctgca480  
cccccaagac caaagcaaa gccaagcca agaaaggga gggaaaggac tagacgcaa540  
30 gcctggatgc caaggagccc ctggtgtcac atggggcctg gccacgccc tcctctccc600  
aggcccagaa tgtgaccac cagtgccttc tgtctgctg ttagcttta tcaatcatgc660  
cctgccttgt ccctctcact cccagcccc acccctaagt gcccaaagt gggagggaca720  
agggattctg ggaagcttga gcctcccca aagcaatgt agtcccagag cccgcttttg780  
ttcttcccca caattccatt actaagaaac acatcaaata aactgacttt tccccccaa840  
35 aaaaagctct tcttttttaa tataaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagaaa 896

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 40 (A) LÄNGE: 1050 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

ttttcatttt tttttttttt tttttctcag ttcaagttaa atacaaacta caaaagatta 60
atgggttgct ctactaatac atcatatacaa ccagtagcct gccacaacg ccaactcagg 120
ccattcctac caaaggaaga aaggctggtc tctccacccc ctgtaggaaa ggctgcctt 180
10 gtaagacacc acaattcggc tgaatctgaa gtcttggtt ttactaatgg aaaaaaaaaa 240
tacagaagag gttttgttct catggctgcc caccgcagcc tggcactaaa acagcccagc 300
gtcacttct gcttgagaa atattctttg ctcttttggg catcaggcct gatggtatca 360
ctgccagggt tccagccagc tgggcacact tccccatgtt tgtcagtga ctggaaggcc 420
tgaactagtc tcaaagtctc atccacagag cggccaacag ggaggtcatt tacagtgatc 480
15 tgccgaagaa tacccttatc atcaatgata aaaaggcccc tgaacgagat gccttcatca 540
gcctttaaga ccccataatc ctgagcaatg gtgcgcttcg ggtctgatac caaaggaatg 600
ttcatgggtc ccagtcctcc ttgtttctta ggtgtattga cccatgctag atgacagaag 660
tgagaatcca cagaagcacc aatcacttgg cagttgagtt tcttaaatc tctgcccta 720
20 tcaactgaa caatgatctc cgtggggcac acaaagggtg agtcaagagg gtaaaagaag 780
aacacaacat attttccttt gtagtcagac aggtgatata ctttaaactg accatctggc 840
ataacagctg tggctttgaa gttgggggca gggtgcccaa ttttagcatt tcctgaagac 900
atcttcctat cagcagtcct aacacaagtc gcagaaacta accaccgaca ccaggcaaga 960
acaagacgcg caagagctct ccggggcgct gcctttatag ccagtaggga tctcgccaca 1020
gtcggaacgg acgggggtgc cggagtagga 1050

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 581 Basenpaare  
30 (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
35 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

50 caggcttcct tctggcaaca ggctggtggtc acgctctcgc tcggtctttc tgccgccatc 60
ttggttcgct gttccctgca caaatgccc ggcaaacacc agaaaccgtc cctgctacag 120
agcaggagtt gccgcagccc caggctgaga cagggtctgg aacagaatct gacagtgatg 180
aatcagtacc agagcttgaa gaacaggatt ccaccagggc aaccacacaa caagcccagc 240
25 tggcggcagc agctgaaatc gatgaagaac cagtcagtaa agcaaaacag agtcggagtg 300
aaaagaaggc acggaaggct atgtccaaac tgggtcttcg gcaggttaca ggagttacta 360

```

55

```

gagtcactat ccggaatct aagaatatcc tctttgtcat cacaaaacca gttgtctaca420
agagccctgc ttcagatacg tacatagttt ttggggaagc cagatcgaag attatcccag480
caagcacaac tagcagctgc tgagaagtca agttcagggtg aactgtctca acgttcagga540
aaccgccggc ttccactgta gagggggagt aaggggaggg t 581

```

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 264 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

30

```

gggactatgt tgtgagcctg cgaaagaagt ttgtgtgggg actgtgggca gtgaatgcgt 60
tggaacaat atggaaaact gggagctgcc ctcagtttct cccaagttg gactcacttt120
cggggtgtcc caaaagcctg attccagggc ctgctagccc gaccccggtg acgcctccac180
ccgcgcctgg cccagcctt caccgcgat cgccgccctc cggggcacac cctccgccag240
aaaacagccg gcgggcggcg agac 264

```

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

(A) LÄNGE: 111 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

10

```
cggcgaatca cttataaatg gcgcgaagc aggagcccga aggctaaatt gcaggagggg 60
tgagcgaatg ctgtgctttc atgggcctct tacgttgatg aggcaaagta t      111
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

15

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 32:

30

```
PFCEETKTER LWPRCRPPAA VGFSTQNPVG GDSESNLFSL PFLGSKANPI PTHWSSALIF60
NLPSPPFQNT HIPFQN      76
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

35

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 33:

50

```
SSFLFSFQTQ FHKNRKDKVF SSRQAKPFPH HQSILKIHEE VERSVSGRLK GSSSSNPTAA60
EKIEIEILKI TS      72
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

- 5 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 34:

20 KKLDYFCAEI KNSHCKTKIK IAQIRKPGGA KCQVSKVHFF SLSKRSSTKT ARIKFSVADK60  
QSPFHIINQS 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- 25 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 35:

40 SSGPAPGCSP FAGTRKNFPS MVVLERTFLK INYIFLCIPM EFQFIRCSPW PPQNTTEVIPA60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- 45 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 36:

ASGVHTETHR YNLLSAKSRK KGWGYLGWLG FDFLLVCLFC TKTVLSFEYR RDISIYMLSN60  
QDG 63

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(A) LÄNGE: 170 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 37:

ARAARAAQTP HLTLPADLQT LHLNRPTLSP ESKLEWNNDI PEVNHLNSEH WRKTEKWTGH 60  
EETNHLETDF SGDGMTELEL GPSRLQPIR RHPKELPQYG GPGKDIFEDQ LYLPVHSDGI120  
30 SVHQMTMAT AEHRSNSSIA GKMLTKVEKN HEKEKSQHLE GSASSSLSSD 170

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 38:

50 ARAPTLDMRF RRRLSADPHA TQRNSAEARG TMDGRVQLMK ALLAGPLRPA ARRWRNPIPF 60  
PETFDGDTDR LPEFIVQTCS YMFVDENTFS NDALKVTFLI TRLTGPALQW VIPYIRKESP120  
LLNDYRGFLA EMKRVFGWEE DEDF 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

- 5 (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 39:

20 HSLGRAPVET LAVATGTANS SQSTRPQARG SPGLEVLVLL PSKDSLHLGQ KAPVIIEQGA 60  
LLPDVGDHPL QGWPREAGDE ERHLQGVVGE RVLVHEHVGA RLHDELRESV GISVKRLGKG120  
NRVPPATRRG PEGPGQEGH QLHPTVHRAA RLRGVSLGCV GVSASASPEA HVEGGGPG 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- 25 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 40:

40 KLTGINTGCR NMLALCIRGH AQQIQEIYLA TFSRKGTGLI IHYILEVFLG FFFFFLRQSC60  
CIAQAGSVVA QSQLIASSIT QGLSNPPTL 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

- 45 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 41:

IVTWRKVPMS LCQRPPPFVR IGIFRLLKGL AHIRCDLFIP VVMEGHICQS LESAKAGTRF60  
PGPQWGCANP RELGCKFVKN QHHVWQLSIG ARSLP 95

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 42:

CQLVFRIQTD GSYWSLGLTS SGNITFSWAE MLLPALKQHS VLKTSWQAPG SNTQLPNMML 60  
ILHEFATQFS RVCTPPLWAG EPGPGLRRLQ ALADVALHNN GNEKVTPYVR QALKESEYPN120  
PHKRRGTAK THGNFPPSND LDRRATQDSP SCSV 154

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 43:

LASTLGVETC LPYVSEDMLS RSKRYIWQLF LEKAHWVSFI TFLSFFGFFF FFFETVLLYC60  
PGWSVVAQSQ LIASSITQA 79

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

- 5 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 44:

20 CQLVFRIQTD GSYWSLGLTS SGNITFSWAE MLLPALKQHS VLKTSWQAPG SNTQLPNMML60  
ILHEFATSWL PRLQHSVGT QS 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 45:

40 RGSKDRNSGQ GSGSYGQLSC RGFSDQFSRV CTPPLWAGEP GPGLRRLQAL ADVALHNNGN60  
EKVTPYVR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

- 45 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 46:

DYVVSLRKKF VWGLWAVNAL GTIWKTGSCP QFLPKLDSLS GCPKSLIPGP ASPTPVTPPP60  
APGPSLHPRS PPSGAHPPPE NSRRAAR 87

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 47:

QALESGFWDT PKVSPTWGET EGSSQFSILF PTHSLPTVPT QTSFAGSQHS P 51

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 48:

RRITYKWRRS RSPKAKLQEG

20

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 49:

GESLINGAEA GARRLNCRRG ERMLCFHGPL TLMRQS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(A) LÄNGE: 26 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 50:

KHSIRSPLLQ FSLRAPASAP FISDSP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 51:

EAHESTAFAH PSCNLAFLGLL LRRHL

25

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 3665 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

30 GGCCATTTTG TGAAGAGACG AAGACTGAGC GGTGTGGGCC GCGTTGCCGA CCTCCAGCAG 60  
CAGTCGGCTT CTCTACGCAG AACCCGGGAG TAGGAGACTC AGAAATCGAA TCTCTTCTCC 120  
CTCCCTTCT TGGGCAGCAA GGCGAACCCC ATCCCTACTC ACTGGAGCTC AGCTTTGATT 180  
TTTAACCTCC CTTCCCCACC CTTCCAGAAC ACACACATTC CATTCCAAAA CTGATTTTAT 240  
AAAGACATTT TAAACATAAT GATGCAACTT GGTGTGCACT ACAGCAAATG TACAGGTGTT 300  
TTTTTTTTTAA TTGTTTCCAA AACCGGGACC TGGATTTAAG ATGTAATTTT TAAAATTTCT 360  
35 ATTTCTATTT TTTCTGCAGC AGTTGGGTTA GAGGAGGAGG AGCCTTTTAG CCTCTCATAA 420  
ACTGACCTCT CTACTTCCTC GTGTATTTTT AAGATTGATT GATGATGTGG AAAGGGCTTT 480  
GCTTGTCTGC TACTGAAAAC TTTATCCTGC GGTTTTTGTG GAAACTGCTT TTGGAAAGAG 540  
AAAAGAAATG AACTTTACTG ACTTGACATT TTTGCACCTC CCGTTTTTCT AATCTGGGCT 600  
ATTTTTATTT TTGTTTTTTT ACAGTGAGAT TTTTTTGATC TTCAGCTTAC ATTTTCGGGC 660  
40 TTTGTGAGGA AACCTTTACC CATCAAACAC GATGGCCAGC AACGTTACCA ACAAGACAGA 720  
TCCTCGCTCC ATGAACTCCC GTGTATTCAT TGGGAATCTC AACACTCTTG TGGTCAAGAA 780  
ATCTGATGTG GAGGCAATCT TTTTCAAGTA TGGCAAAATT GTGGGCTGCT CTGTTTATAA 840  
GGGCTTTGCC TTCGTTTCTG ATGTTAATGA GAGAAATGCC CGGGCTGCTG TAGCAGGAGA 900  
45 GGATGGCAGA ATGATTGCTG GCCAGGTTTT AGATATTAAC CTGGCTGCAG AGCCAAAAGT 960  
GAACCGAGGA AAAGCAGGTG TGAAACGATC TGCAGCGGAG ATGTACGGCT CCTCTTTTGA1020  
CTTGACTAT GACTTTCAAC GGGACTATTA TGATAGGATG TACAGTTACC CAGCACGTGT1080  
ACCTCCTCCT CCTCCTATTG CTCGGGCTGT AGTGCCCTCG AAACGTCAGC GTGTATCAGG1140  
AAACACTTCA CGAAGGGGCA AAAGTGGCTT CAATTCTAAG AGTGGACAGC GGGGATCTTC1200  
CAAGTCTGGA AAGTTGAAAG GAGATGACCT TCAGGCCATT AAGAAGGAGC TGACCCAGAT1260  
50 AAAACAAAAA GTGGATTCTC TCCTGGAAAA CCTGGAAAAA ATTGAAAAAG AACAGAGCAA1320  
ACAAGCAGTA GAGATGAAGA ATGATAAGTC AGAAGAGGAG CAGAGCAGCA GCTCCGTGAA1380  
GAAAGATGAG ACTAATGTGA AGATGGAGTC TGAGGGGGGT GCAGATGACT CTGCTGAGGA1440  
GGGGGACCTA CTGGATGATG ATGATAATGA AGATCGGGGG GATGACCAGC TGGAGTTGAT1500  
CAAGGATGAT GAAAAAGAGG CTGAGGAAGG AGAGGATGAC AGAGACAAGG CCAATGGCGA1560  
55 GGATGACTCT TAAGCACATA GTGGGGTTTA GAAATCTTAT CCCATTATTT CTTTACCTAG1620  
GCGCTTGTCT AAGATCAAAT TTTTCACCAG ATCCTCTCCC CTAGTATCTT CAGCACATGC1680  
TCACTGTTCT CCCCATCCTT GTCCTTCCCA TGTTTCATTAA TTCATATTGC CCCGCGCCTA1740

GTCCCATTTT CACTTCCTTT GACGCTCCTA GTAGTTTTGT TAAGTCTTAC CCTGTAATTT1800  
 TTGCTTTTAA TTTTGATACC TCTTTATGAC TTAACAATAA AAAGGATGTA TGGTTTTTAT1860  
 CAACTGTCTC CAAAATAATC TCTTGTTATG CAGGGAGTAC AGTTCCTTTC ATTCATACAT1920  
 AAGTTCAGTA GTTGCTTCCC TAACTGCAAA GGCAATCTCA TTTAGTTGAG TAGCTCTTGA1980  
 5 AAGCAGCTTT GAGTTAGAAG TATGTGTGTT ACACCCTCAC ATTAGTGTGC TGTGTGGGGC2040  
 AGTTCAACAC AAATGTAACA ATGTATTTTT GTGAATGAGA GTTGGCATGT CAAATGCATC2100  
 CTCTAGAAAA ATAATTAGTG TTATAGTCTT AAGATTTGTT TTCTAAAGTT GATACTGTGG2160  
 GTTATTTTTG TGAACAGCCT GATGTTTGGG ACCTTTTTTC CTCAAATAA ACAAGTCCTT2220  
 ATTAAACCAG GAATTTGGAG AAAAAAAAAA AAAAAAATT TTTATTTTTG TATTTTATTA2280  
 10 TTGTTTACTT CAAACTTTGT TTTACAGCGT CCTCCACAAA ACCTCTAGAA TGCCTAGAT2340  
 ATATTTTCTT TGGAGTCATA ATCATGATGC ATACCAACAC AACACTACTC AAATTATATT2400  
 TCATTGAGAT GCATGTTGCA TTGAGGAGTC AACTTGACAT AGAGTGGAGA CTTTTTCAA2460  
 ATGGCTTTTA CATCCTAATG AAAGTTTGGG AAGTATATCC TCTCTGCCTT TTCATCAGTG2520  
 CTTTGTGGTC CAGCTGGCAC CCTTCTGAG GTTTGTGTTT TGTGCTAAAT GGTTTTGTCC2580  
 15 TTAAATAGGA GAGGCTCAAA AACATCAAGA TTTCAGGAAA ATGGCGACAC TGGCATAATG2640  
 GAACCCCCCT GCTTCTATTT TGTTCTTTTA ATTACTATTT ATAGCCCAG TTACCTTCTG2700  
 AATTCGAAG TGTATATACC TCCATGTTCC TGAAACAAG AAAACTCTTA CTTCTGATA2760  
 TTCCATAGAC TGCCTTCCCA GGTGATTGAG AACATAGAGA ATGTTACACA TTTATTTTAC2820  
 TCTAAATGAT CTTTTACCCC TGTTAGCTAA TCTTTGTGTT TTCTCAACT TTATTAATTA2880  
 20 CAGTGATTGC ATTTTATGCA TCCAGTTGTA AGATGAATAT ATTAAACAGC TACCAGTGT2940  
 GGTGATACCT CATCCTTGAA AGGCTTAGTT CATTTGTGTT TTATACTTCA GTTTTTCCAG3000  
 CATAGCAGAA AATGCCGCTT ATAATTTTTG TGCACACAAA CCTTGGAATC CCCCTGTAA3060  
 GTTGCTATGG TTTCATAGCA TGCGGCACTG GCCCCTTTTT CATCCCACTC ATTACAGGCA3120  
 AAACCCATGT CTTATTTATG AGGATTTTAT AGATCATTTT CTGTAACAGG TGACAAAAGC3180  
 25 AGAAAAGAAT GAAGAGGCTG AAGTATGAAC TACCCTTGGA GCCCATATAC ATGATATAGG3240  
 CAATTTCTTT TGTATGTTAA TTCAGTCAAA AATACTACCC ACTTGATGTT TTCTAATCTG3300  
 ATGTGAGCTC ATGTTACACA GACTTTTAGT AAGTAACCCG TGAAGTAAAA ATAACTGGA3360  
 TGCTTAGGAG AGAGTGTGAG ATGTATAAGA TGCTAATAAA ACCTGTTTAA TATTATTGTT3420  
 AGCTGTAAGT TTTTGGGAAA TACTGAACAA ATTAGTCCAC AATCAAGTGT CTACTTTTCC3480  
 30 CTTCACTGTA GGGCCTCTCC CTGCACAGAG CAGTCTGTTT AGCTGTGAAC ACCACAATCT3540  
 GCAGATGTTT AAGTCCCTTA CATAAAATGG CATAGTATTT ATATGTAACC TATGCATATT3600  
 CTCCTGTATA TTTTAAATCA TCTCTACATT AAAATACCTG ATAAATCTA AATAAAAAAA3660  
 AAAAA 3665

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (A) LÄNGE: 301 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 53:

GNLYPSNTMA SNVTNKTDPR SMNSRVFIGN LNTLVVKKSD VEAIFSKY GK IVGCSVHKGF 60  
 AFVQYVNERN ARAAVAGEDG RMIAGQVLDI NLAAEPKVN GKAGVKRSAA EMYGSSFDLD120  
 55 YDFQRDYYDR MYSYPARVPP PPPIARAVVP SKRQVSGNT SRRGKSGFNS KSGQRGSSKS180  
 GKLGKDDLQA IKKELTQIKQ KVDSLLENLE KIEKEQSKQA VEMKNDKSEE EQSSSVKKD240  
 ETNVKMESEG GADDSAEEDG LLDDDDNEDR GDDQLELIKD DEKEAEEGED DRDKANGEDD300  
 S 301

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

- 5 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 54:

20 ESSSPLALSL SSSPSSASFS SSLINSSWSS PRSSLSSSSS RSPSSAESSA PPSDSIFTLV 60  
SSFFTELLLC SSSDLSFFIS TACLLCSFSI FSRFSRREST FCFIWVSSFL MA 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- 25 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 55:

40 TRNLEKKKKK NFLFLYFIIV YFKLCFTASS TKPLECTRYI FLGVIIMMHT NTTLLKLYFI 60  
EMHVALRSQL DIEWRLFQNG FYILMKVWEV YPLCLFISAL WSSWHPF 107

**Patentansprüche**

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 14-18, 30, 31, 52.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 14-18, 30, 31, 52 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq. ID 52, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Uterusmyomgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq. ID 52, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 50 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.



9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 20 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 40 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 45 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 50 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1-31 und Seq. ID 52 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 15 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 32-51 und Seq. ID Nos. 53-55.
- 20 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 30 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 32 bis 51 und Seq. ID Nos. 53-55, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uterusmyom.
- 35 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-31 und Seq ID No. 52 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uterusmyom verwendet werden können.
- 40 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-31 und und Seq ID No. 52 in sense oder antisense Form.
- 45 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 und Seq. ID Nos. 53-55 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Uterusmyom.
- 50 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 und Seq. ID Nos. 53-55, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Uterusmyom.

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 und Seq. ID Nos. 53-55.

5

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

10

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

15

35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq. ID 52.

20

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

25

37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

30

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

35



1/10

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

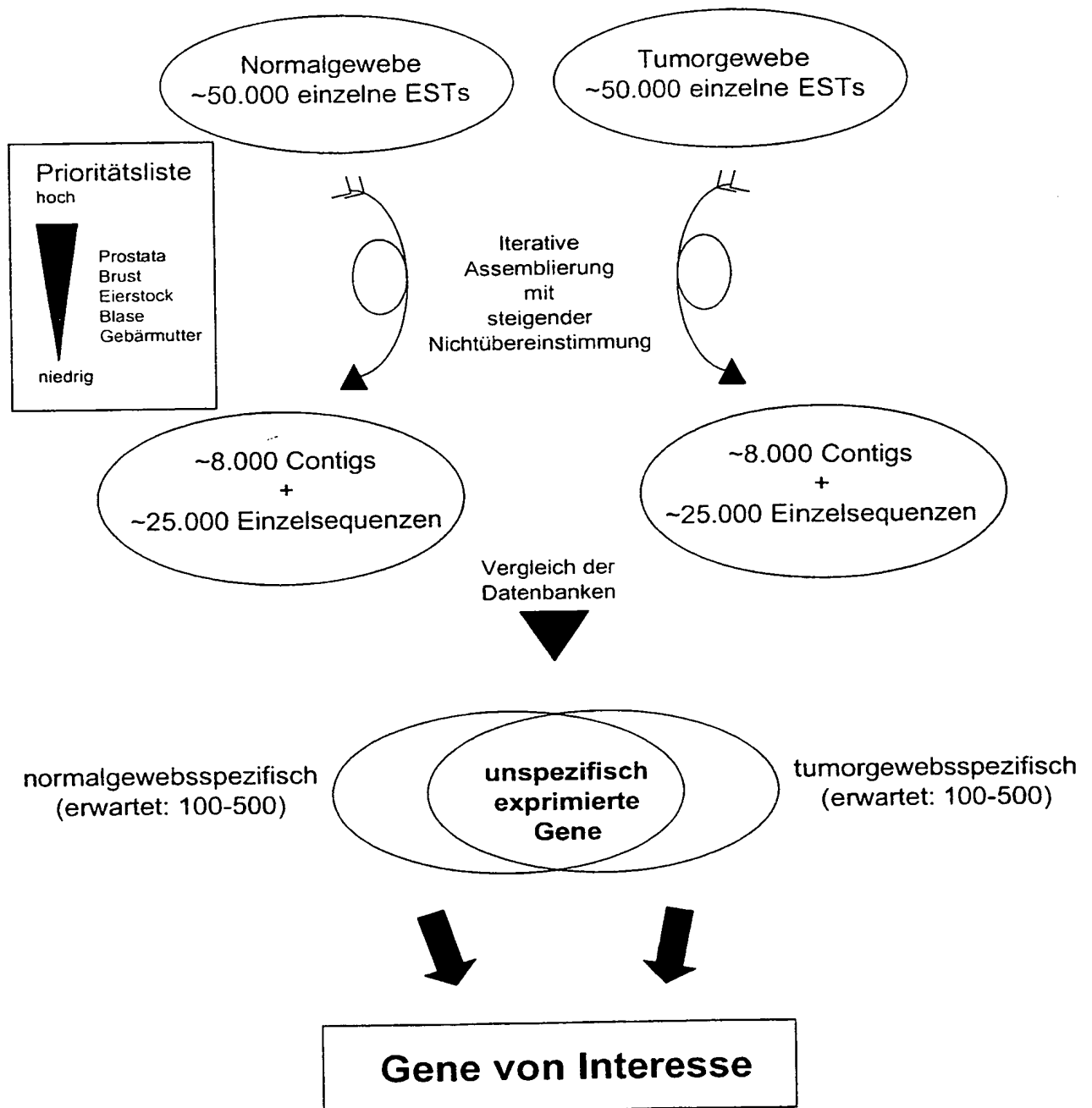


Fig. 1



2/10

## Prinzip der EST-Assemblierung

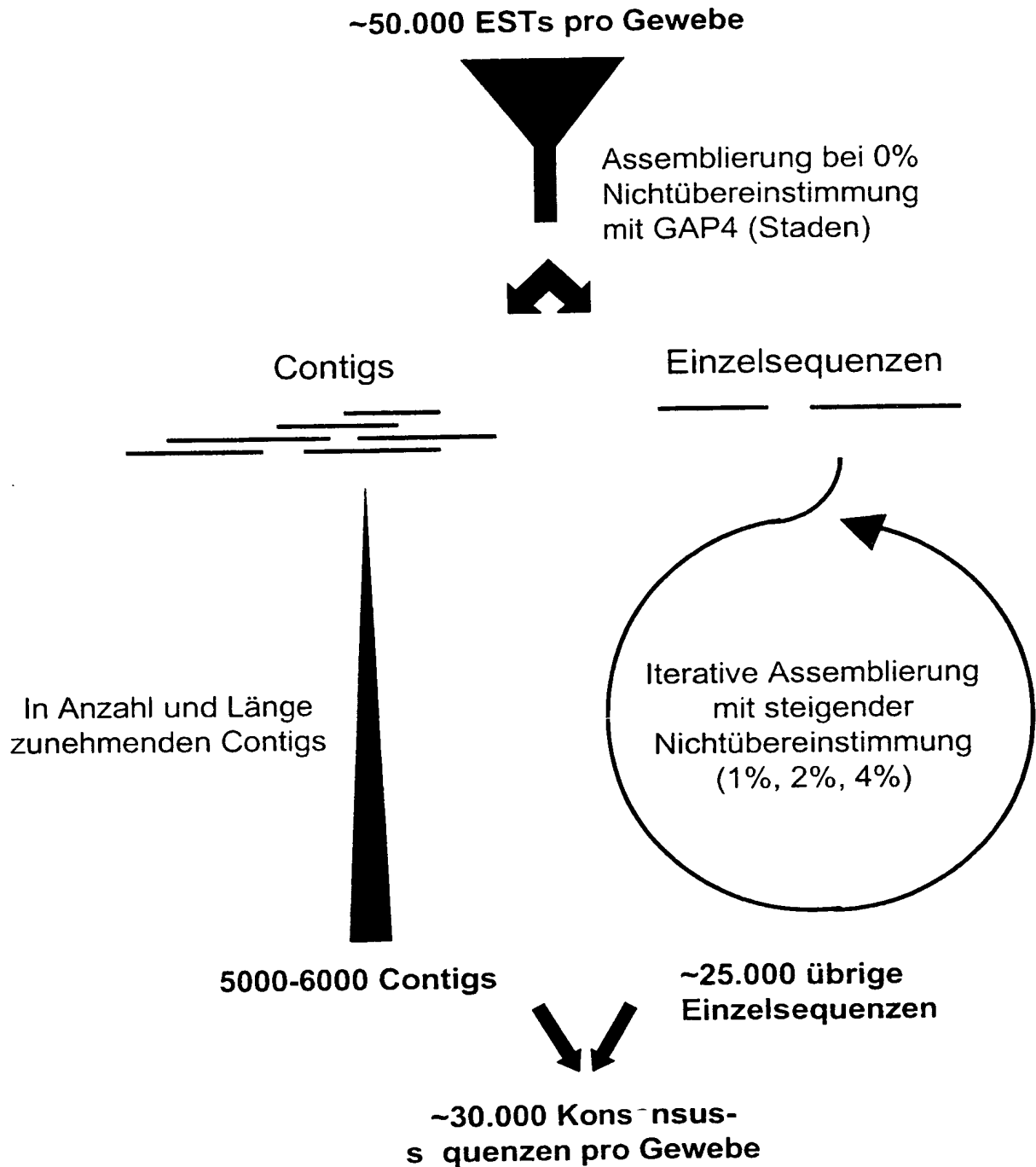


Fig. 2a





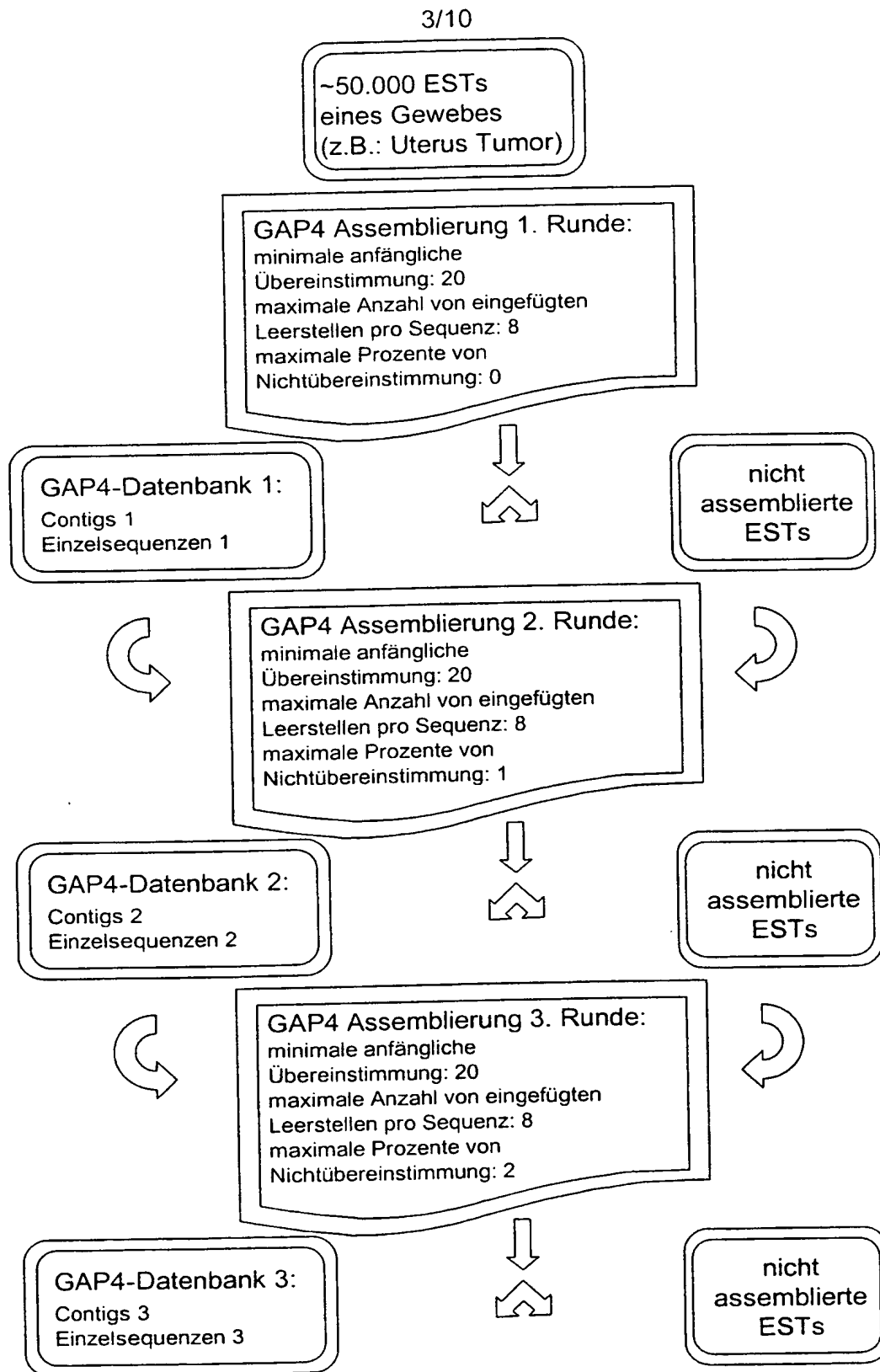


Fig. 2b1



4/10

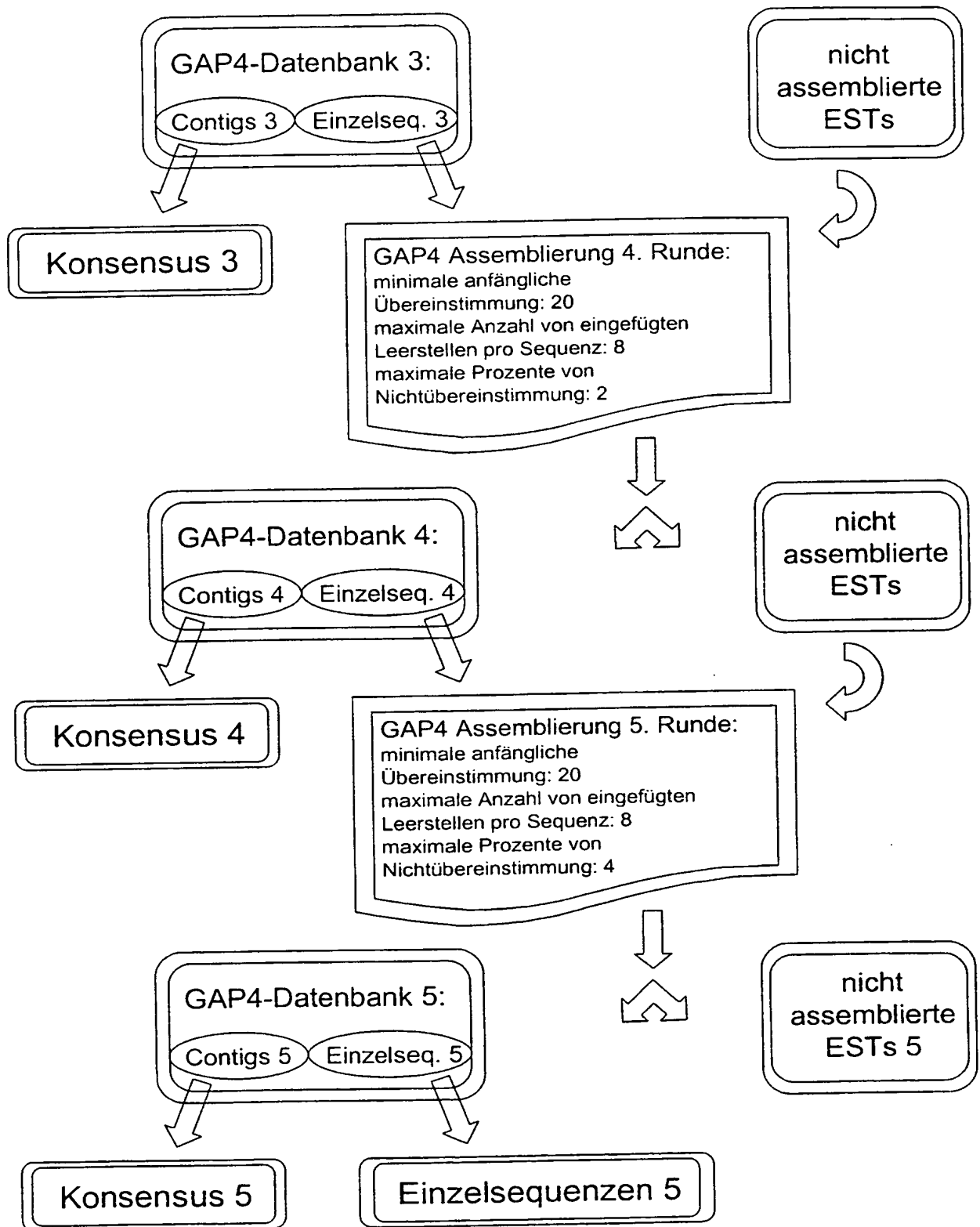


Fig. 2b2



5/10

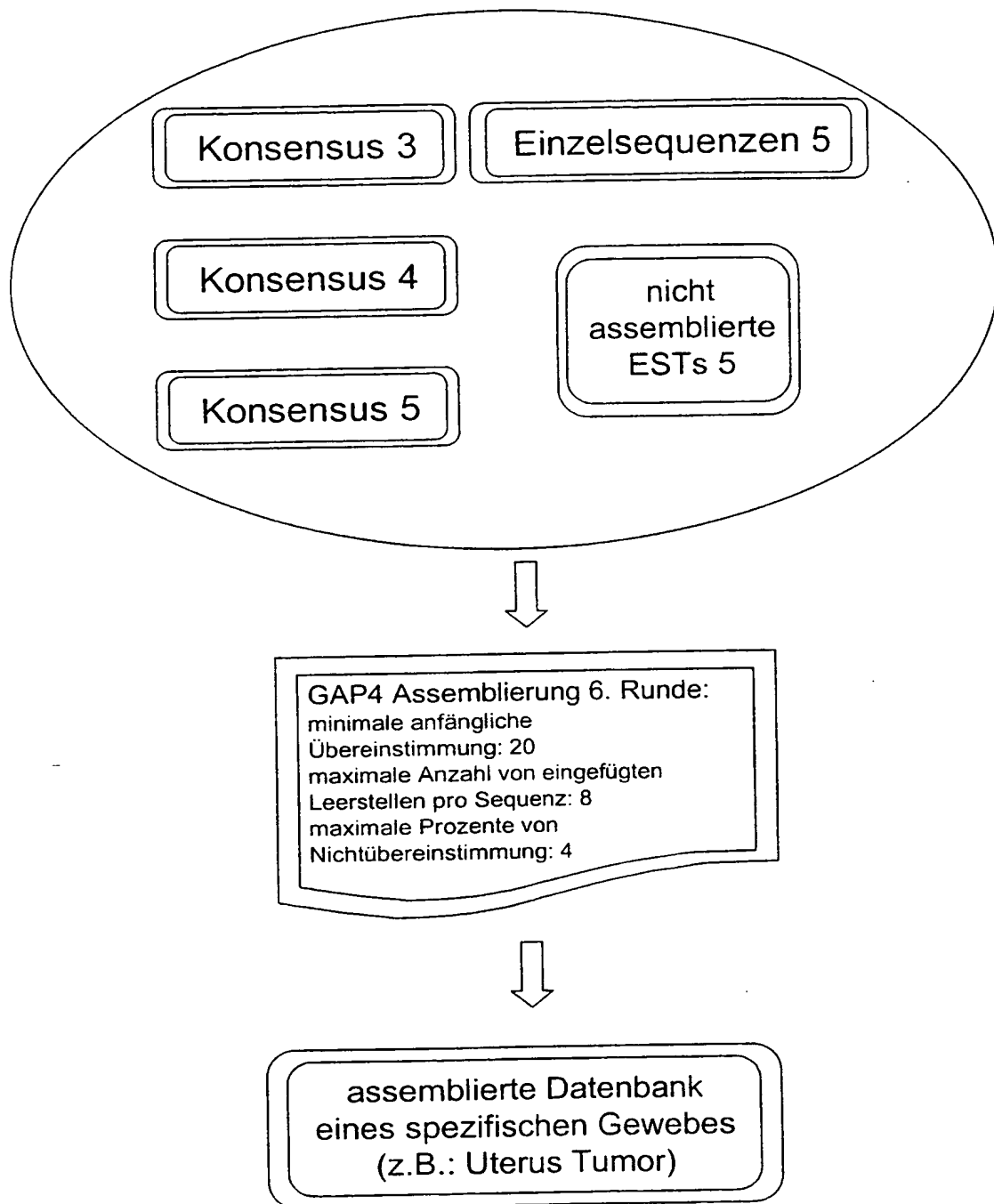


Fig. 2b3



6/10

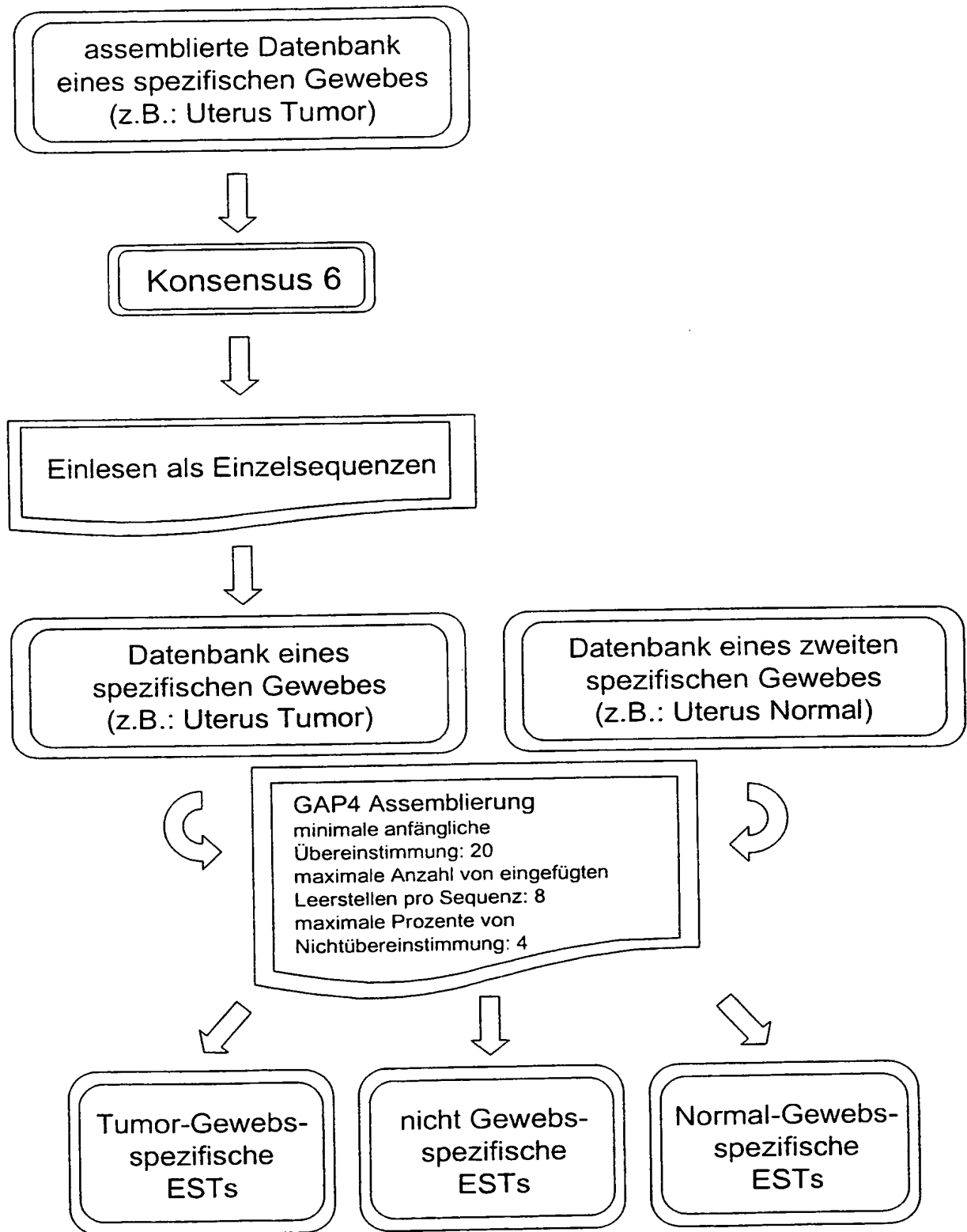


Fig. 2b4





7/10

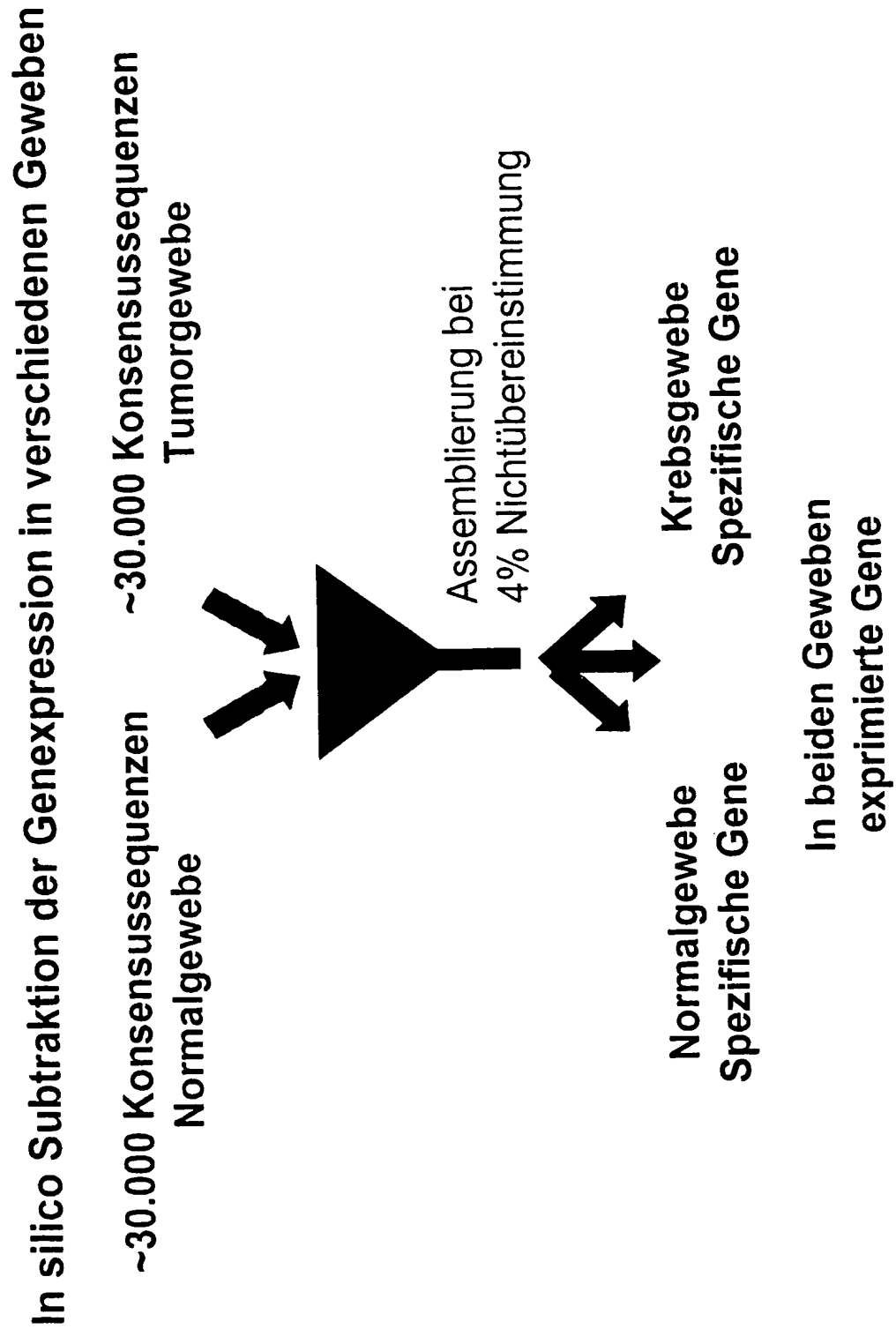


Fig. 3



8/10

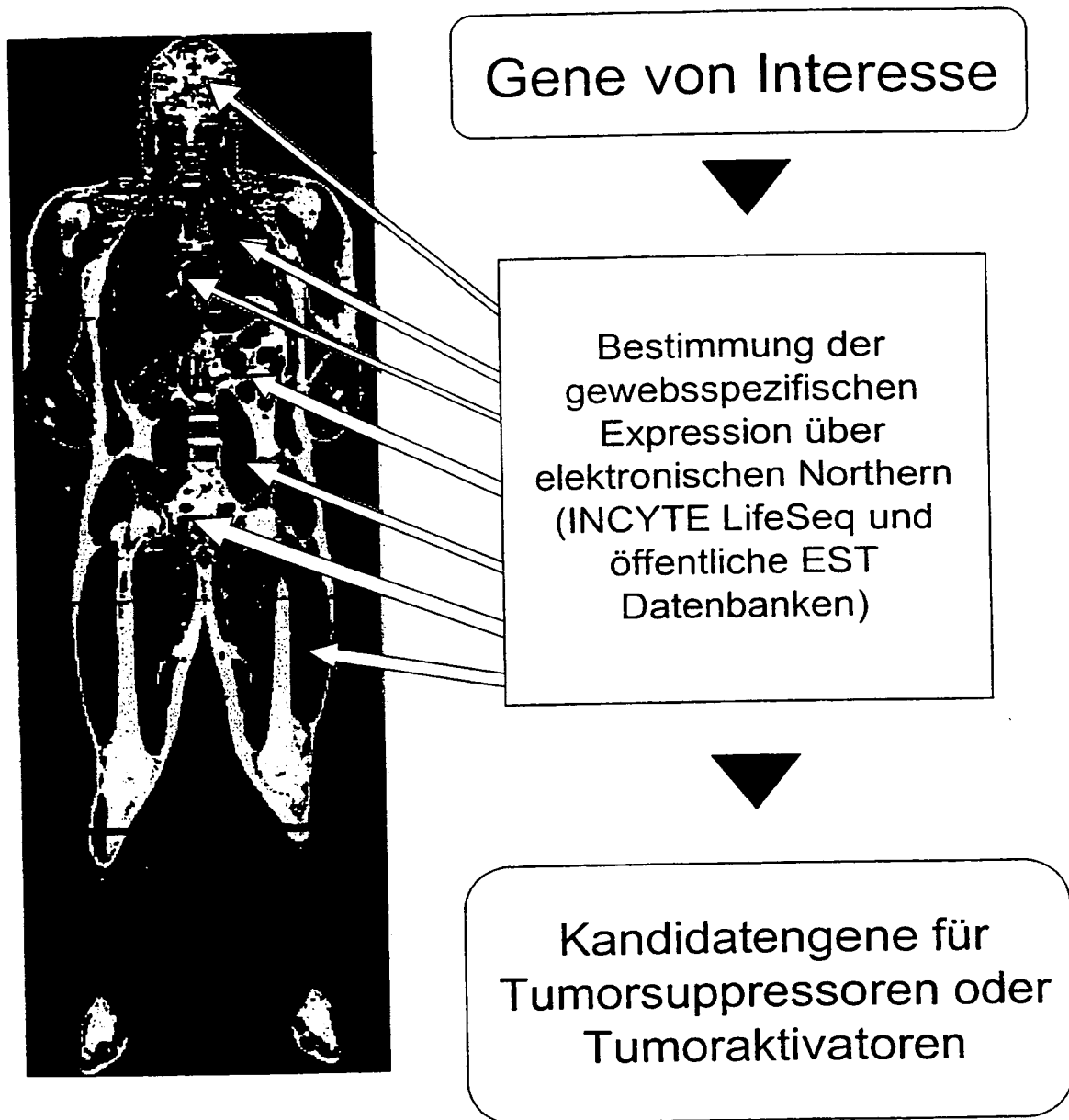


Fig. 4a



9/10

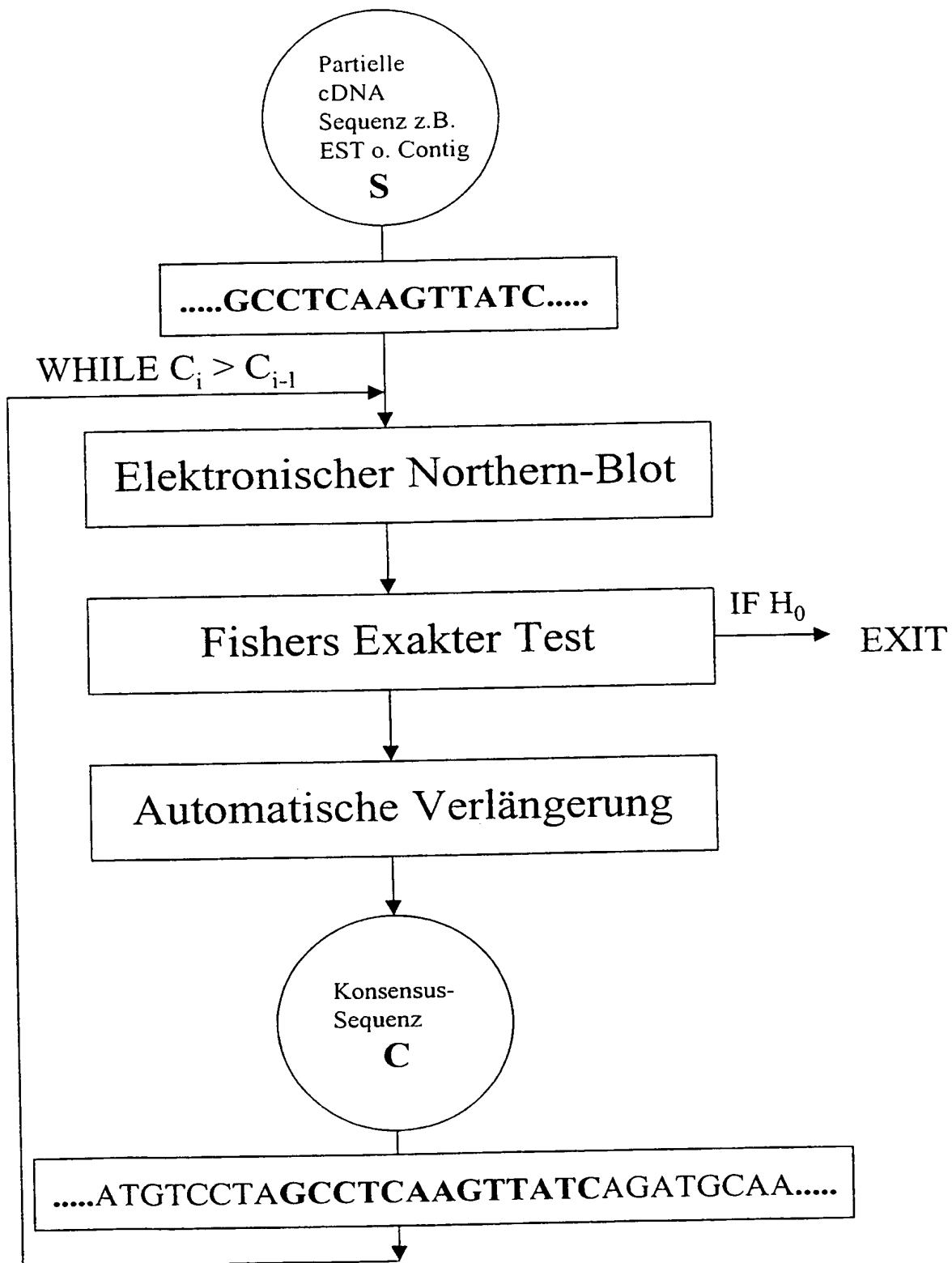


Fig. 4b



10/10

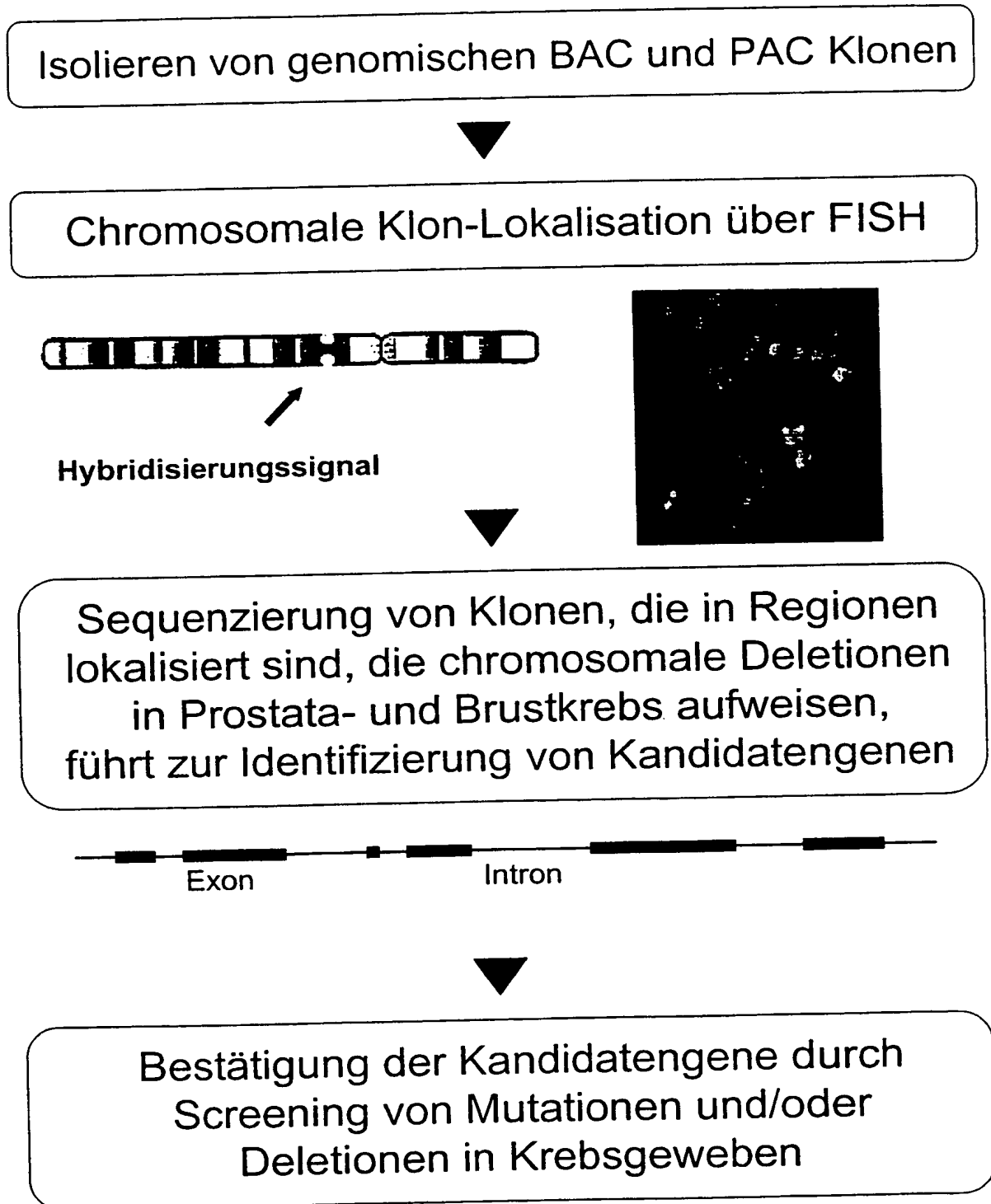


Fig. 5

**THIS PAGE BLANK (USPTO)**